

(19) 日本国特許庁 (J P)

(12) 公表特許公報 (A)

(11) 特許出願公表番号

特表2002-507397

(P2002-507397A)

(43) 公表日 平成14年3月12日 (2002.3.12)

(51) Int.Cl. ⁷	識別記号	F I	テーマコード* (参考)
C 1 2 N 15/09	Z N A	A 6 1 K 39/00	H 4 B 0 2 4
A 6 1 K 39/00		39/29	4 B 0 6 3
		A 6 1 P 31/12	4 C 0 8 5
A 6 1 P 31/12		35/00	4 H 0 4 5
35/00		C 0 7 K 7/00	
審査請求 未請求 予備審査請求 有 (全156頁) 最終頁に続く			

(21) 出願番号 特願2000-535367(P2000-535367)
 (86) (22) 出願日 平成10年3月13日 (1998.3.13)
 (85) 補正文提出日 平成12年9月13日 (2000.9.13)
 (86) 国際出願番号 P C T / U S 9 8 / 0 5 0 3 9
 (87) 国際公開番号 W O 9 9 / 4 5 9 5 4
 (87) 国際公開日 平成11年9月16日 (1999.9.16)

(71) 出願人 エビミュン、インコーポレイティド
 アメリカ合衆国、カリフォルニア 92121,
 サン ディエゴ、ナンシー リッジ ドラ
 イブ 655, スイート 200
 (72) 発明者 セット、アレッサンドロ
 アメリカ合衆国、カリフォルニア 92037,
 ラ ジョーラ、リンダ ローザ アベニュー
 5551
 (72) 発明者 クボ、ラルフ ティー、
 アメリカ合衆国、カリフォルニア 92130,
 サン ディエゴ、フトゥーラ ストリート
 12635
 (74) 代理人 弁理士 石田 敬 (外4名)

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 H L A 結合ペプチド及びその使用

(57) 【要約】

本願発明は、H L A 対立遺伝子によりコードされる糖タンパク質に特異的に結合し、そしてその対立遺伝子により制限された T 細胞内での T 細胞の活性化を誘発することができる、免疫原性ペプチドの選択手段及び方法並びに当該免疫原性ペプチド組成物を提供する。本ペプチドは、所望の抗原に対する免疫応答を顕出するために有用である。

【特許請求の範囲】

【請求項1】 HLA結合モチーフを有する免疫原性ペプチドを含む組成物であって、その免疫原性ペプチドが、表3～14中に示すペプチド又は表3～14中に示すペプチド内の残基の保存的置換を含むペプチドである、前記組成物。

【請求項2】 前記免疫原性ペプチドが、第2のオリゴペプチドに結合されている、請求項1に記載の組成物。

【請求項3】 前記第2のオリゴペプチドが、ヘルパーT応答を誘発するペプチドである、請求項2に記載の組成物。

【請求項4】 表3～14中に示す免疫原性ペプチド、又は表3～14中に示すペプチドの残基の保存的置換を含むペプチドをコードする核酸分子を含む組成物。

【請求項5】 前記核酸が、さらに、第2の免疫原性ペプチドをコードする配列を含む、請求項4に記載の組成物。

【請求項6】 前記核酸がさらに、ヘルパーT応答を誘発するオリゴペプチドをコードする配列を含む、請求項4に記載の組成物。

【請求項7】 細胞毒性T細胞を請求項1に記載のペプチドと接触させることを含む、細胞毒性T細胞を誘導する方法。

【発明の詳細な説明】

【0001】

本願発明の背景

本願発明は、多数の病理学的症状、例えば、ウイルス疾患及び癌の予防、治療又は診断のための組成物及び方法に関する。特に、本願発明は、選択された主要組織適合性複合体(MHC)分子に結合し、そして免疫応答を誘発することができる新規のペプチドを提供する。

【0002】

MHC分子は、クラスI又はクラスIIのいずれかの分子として分類される。クラスII MHC分子は、免疫応答を開始し、そして持続させることに関係する細胞、例えば、Tリンパ球、Bリンパ球、マクロファージ、等の上で主に発現される。クラスII MHC分子は、ヘルパーT細胞により認識され、そしてヘルパーTリンパ球の増殖を、そして提示される特定の免疫原性ペプチドに対する免疫応答の増幅を、誘導する。クラスI MHC分子は、ほとんど全ての有核細胞上で発現され、そして細胞毒性Tリンパ球(CTLs)により認識される、これは次に抗原担持細胞により破壊される。CTLsは、腫瘍拒絶において、そしてウイルス感染との戦いにおいて特に重要である。

【0003】

CTLは、無傷の外來抗原自体よりもMHCクラスI分子に結合したペプチド断片の形態にある抗原を認識する。抗原は、通常、細胞により内因的に合成されなければならない、そしてそのタンパク質抗原の一部は、細胞質内の小ペプチド断片に分解される。これらの小ペプチドのいくつかは、プレゴルジ(pre-Golgi)区画内に輸送され、そしてクラスIの重鎖と相互作用して、適当な折り畳み、及びサブユニット β 2マイクログロブリンとの会合を容易にする。次に、このペプチド-MHCクラスI複合体は、特異的CTLsによる発現及び潜在的な認識のために細胞表面に運ばれる。

【0004】

ヒトMHCクラスI分子、HLA-A2.1の結晶構造の調査は、ペプチド結合性溝(groove)が、クラスI重鎖の α 1ドメインと α 2ドメインの折り

量みにより創られるということを示している(Bjorkman et al., Nature 329 : 506 (1987))。しかしながら、これらの調査においては、上記溝に結合するペプチドの同一性は、決定されなかった。

【0005】

Buus et al., Science 242 : 1065 (1988)は、MHCからの結合ペプチドの酸溶離の方法を最初に記載した。その後、Rammensee と共同研究者 (Falk et al., Nature 351 : 290 (1991))らは、クラス I 分子に結合した天然にプロセスされたペプチドを特徴付けるためのアプローチを開発した。他の研究者らは、B タイプの(Jardetzky, et al., Nature 353 : 326 (1991))及びマス・スペクトロメトリによる A 2, 1 タイプの (Hunt, et al., Science 225 : 1261 (1992)) のクラス I 分子から溶離されたペプチドの慣用の自動配列決定によりさまざまな HPLC 画分内のより多量のペプチドの直接的アミノ酸配列決定を首尾よく達成した。MHC クラス I における天然にプロセスされたペプチドの特徴付けのレビューは、Roetzschke and Falk (Roetzschke and Falk, Immunol. Today 12 : 447 (1991)) により提示されている。

【0006】

Sette et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86 : 3296 (1989) は、MHC 対立遺伝子特異的モチーフが、MHC 結合能力を予測するために使用されることができるであろうということを示した。Schaeffer et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86 : 4649 (1989) は、MHC 結合が、免疫原性に関係していることを示した。いくらかの著者 (De Bruijn et al., Eur. J. Immunol., 21 : 2963-2970 (1991) ; Pamer et al., 991 Nature 353 : 852-955 (1991))は、クラス I 結合モチーフが、動物モデルにおける潜在的に免疫原性のペプチドの同定に適用されることができるという予備的な証拠を提供した。与えられたクラス I アイソタイプ多数のヒト対立遺伝子に特異的なクラス I モチーフは、未だ記載されていない。これらの異なる対立遺伝子の組合せの頻度は、大きな画分又はたぶんヒト異系交配集団の大部分をカバーするために十分に高くなければならないということが望ましい。

【0007】

本分野における発展にも拘らず、従来技術は、未だ、上記研究に基づき有用なヒトペプチドベースのワクチン又は治療剤を提供していない。本願発明は、上記その他の利点を提供する。

本願発明の要約

本願発明は、HLA分子のための結合モチーフを有する免疫原性ペプチドを含む組成物を提供する。適当なMHC対立遺伝子に結合する免疫原性ペプチドは、上記ペプチドが所望のHLA分子に結合することを許容する特定の位置に、保存された残基を含む。

【0008】

多数の免疫原性標的タンパク質上のエピトープは、本願発明のペプチドを使用して同定されることができる。好適な抗原の例は、前立腺癌特異的抗原(PSA)、B型肝炎コア及び表面抗原(HBc, HBs)、C型肝炎抗原、Epstein-Barrウイルス抗原、ヒト免疫不全1型ウイルス(HIV1)、カポジ肉腫ヘルペス・ウイルス(KSHV)、ヒト・パピローマ・ウイルス(HPV)抗原、ラッサ(Lassa)ウイルス、マイコバクテリウム・チューバerculosis(結核菌MT)、p53, CEA、トリパノソーム表面抗原(TSA)、及びHer2/neuを含む。従って、上記ペプチドは、治療と診断の両者の適用のための医薬組成物において有用である。

【0009】

特に、本発明は、その免疫原性ペプチドが表3～14に示すペプチドである、HLA結合モチーフを有する免疫原性ペプチドを含む組成物を提供する。表3～14中に示すペプチド内の残基の保存的置換を含むペプチドをも提供する。本願発明の免疫原性ペプチドは、第2のオリゴペプチドにさらに連結されることができる。いくつかの態様においては、第2のオリゴペプチドは、ヘルパーT応答を含むペプチドである。

【0010】

本願発明は、表3～14中に示すような免疫原性ペプチド、又は表3～14中に示すペプチドの残基の保存的置換を含むペプチドをコードする核酸をさらに提供する。上記核酸は、さらに、第2の免疫原性ペプチド又はヘルパーT応答を誘

発するペプチドをコードする配列を含むことができる。

本願発明において提供するペプチドは、インビボ又はインビトロのいずれかに
おいて細胞毒性T細胞応答を誘発するために使用されることができる。上記方法
は、細胞毒性T細胞を本願発明のペプチドと接触させることを含む。

【0011】

定義

用語“ペプチド”は、典型的には、隣接アミノ酸のアルファアミノ基とカル
ボニル基の間のペプチド結合により互いに結合された、一連の残基、典型的には
L-アミノ酸を指すために、本願明細書中、“オリゴペプチド”と互換的に使用
される。本願発明のオリゴペプチドは、長さ約15残基未満であり、そして通常
、約8〜約11の残基、好ましくは9又は10の残基から成る。

【0012】

“免疫原性ペプチド”は、そのペプチドがMHC分子に結合し、そしてCTL
応答を誘発するであろうように、対立遺伝子特異的モチーフを含むペプチドであ
る。本願発明の免疫原性ペプチドは、適当なHLA分子に結合し、そしてその免
疫原性ペプチドが由来するところの抗原に対する細胞毒性T細胞応答を誘発する
ことができる。

【0013】

免疫原性ペプチドは、便利には、本願発明のアルゴリズムを使用して同定され
る。このアルゴリズムは、免疫原性ペプチドの選択を可能にする等級（スコア）
を作る数学的手順である。典型的には、当業者は、特定のアフィニティーにおけ
る高い結合確率をもち、そして次に免疫原性となるであろう、ペプチドの選択を
可能にする“結合しきい値（binding threshold）”をもつ上記アルゴリズム等級
を使用する。このアルゴリズムは、ペプチドの特定の位置において特定のアミノ
酸のMHC結合に対する効果、又はモチーフ含有ペプチド内の特定の置換物の結
合に対する効果のいずれかに基づく。

【0014】

“保存（された）残基”は、ペプチドの特定の位置においてランダム分布によ
り予測されるであろう有意に高い頻度において生じるアミノ酸である。典型的に

は、保存された残基は、そのMHC構造が、接触点上記免疫原性ペプチドを提供することができるようなものである。所定長のペプチド内の少なくとも1～3以上、好ましくは2の、保存された残基は、免疫原性ペプチドのためのモチーフを規定する。これらの残基は、典型的には、上記ペプチド結合性溝と密に接しており、それらの側鎖はその溝の特定のポケット内に埋められている。典型的には、免疫原性ペプチドは、3までの保存された残基、より普通には2つの保存された残基を含むであろう。

【0015】

本願明細書中に使用するとき、“結合陰性残基 (negative binding residues)”とは、特定の位置に存在する場合、非結合又は弱結合材 (non binder or poor binder)であるペプチドをもたらし、そして次に免疫原性であること、すなわちCTL応答の誘発に失敗するであろうアミノ酸である。

用語“モチーフ (motif)”とは、特定のMHC対立遺伝子により認識される、所定長の、通常、約8～約11のアミノ酸をもつペプチド内の残基のパターンをいう。このペプチド・モチーフは、典型的には、各ヒトMHC対立遺伝子について異なり、そして高く保存された残基及び陰性の残基のパターンにおいて相違する。

【0016】

対立遺伝子のための結合モチーフは、高い精度 (increasing degrees of precision)をもって定義されることができる。ある場合には、保存された残基の全てがペプチド内の正しい位置に存在し、そして位置し、3、及び／又は7において陰性残基が存在しない。

句“単離された”又は“生物学的に純粋”とは、その天然の状態において見られるような、通常それに同伴する成分を実質的に又は本質的に含有しない材料をいう。従って、本願発明のペプチドは、それらのイン・サイチュー環境と通常係わる材料、例えば抗原提示細胞上のMHC I分子を含まない。タンパク質が、均一又は優勢なバンドにまで単離されている場合にさえ、所望のタンパク質と同時に精製される、天然タンパク質の5～10%の範囲において、微量の汚染物質が存在する。本願発明の単離されたペプチドは、このような内因性の同時精製タ

ンパク質は含まない。

【0017】

用語“残基”とは、アミド結合又はアミド結合擬態によりオリゴペプチド内に取り込まれたアミノ酸又はアミノ酸擬態をいう。

好ましい態様の説明

本願発明は、(ときにHLAという)ヒト・クラスⅠ MHC対立遺伝子サブタイプのための対立遺伝子特異的ペプチド・モチーフ、特にHLA対立遺伝子により認識されるペプチド・モチーフの決定に関する。

【0018】

HLA-A2.1については、9アミノ酸のペプチドが、好ましくは、以下のモチーフをもつ：I, V, A、及びTから成る群から選ばれたN-末端から2番目の位置における第1の保存アミノ残基、並びにV, L, I, A、及びMから成る群から選ばれたC-末端位における第2の保存残基。他のモチーフは、選ばれたN-末端から2番目の位置における第1の保存残基がL, M, I, V, A、及びTから成る群に由来し、そして選ばれたC-末端位における第2の保存残基がA及びMから成る群に由来するものである。1位のアミノ酸は、好ましくは、D及びPから成る群から選ばれたアミノ酸ではない。N-末端から3番目にあるアミノ酸は、D, E, R, K、及びHから成る群から選ばれたアミノ酸ではない。N-末端から6番目のアミノ酸は、R, K、及びHから成る群から選ばれたアミノ酸ではない。N-末端から7番目にあるアミノ酸は、R, K, H, D、及びEから成る群から選ばれたアミノ酸ではない。

【0019】

10残基をもつペプチドのためのHLA-A2.1結合モチーフは以下のものである：L, M, I, V, A、及びTから成る群から選ばれたN-末端から2番目にある第1の保存残基、並びにV, I, L, A、及びMから成る群から選ばれたC-末端位にある第2の保存残基。この第1及び第2保存残基は、7残基離れている。好ましくは、1位におけるアミノ酸は、D, E、及びPから成る群から選ばれたアミノ酸ではない。このN-末端残基は、D、及びEから成る群から選ばれたアミノ酸ではない。N-末端から4位にある残基は、A, K, R、及びH

から成る群から選ばれたアミノ酸ではない。N-末端から5位にあるアミノ酸はPではない。N-末端から7位にあるアミノ酸は、R、K、及びHから成る群から選ばれたアミノ酸ではない。N-末端から8位にあるアミノ酸は、D、E、R、K、及びHから成る群から選ばれたアミノ酸ではない。N-末端から9位にあるアミノ酸は、R、K、及びHから成る群から選ばれたアミノ酸ではない。

【0020】

HLA-A3.2のためのモチーフは、そのN-末端からC-末端まで、2位に、L、M、I、V、S、A、T、及びFからの第1保存残基、並びにそのC-末端にK、R、又はYからの第2保存残基を含む。他の第1保存残基は、C、G又はD、そしてあるいはEである。他の第2保存残基はH又はFである。この第1及び第2保存残基は、好ましくは、6～7残基離れている。

【0021】

HLA-A1のためのモチーフは、そのN-末端からC-末端まで、T、S、又はMの第1保存残基、D又はEの第2保存残基、そしてYの第3保存残基を含む。他の第2保存残基は、A、S又はTである。第1保存残基と第2保存残基は隣接し、そして好ましくは、6～7残基程、第3保存残基から離れている。第2モチーフは、E又はDからの第1保存残基、及びYからの第2保存残基から成り、ここで第1保存残基と第2保存残基は5～6残基離れている。

【0022】

HLA-A11のためのモチーフは、そのN-末端からC-末端まで、2位に、T、V、M、L、I、S、A、G、N、C、D又はFからの第1保存残基、並びにK、R、Y又はHからのC-末端保存残基を含む。第1保存残基と第2保存残基は、好ましくは、6又は7残基離れている。

HLA-A24.1のためのモチーフは、そのN-末端からC-末端まで、2位に、Y、F又はWからの第1保存残基、並びにF、I、W、M又はLからのC-末端保存残基を含む。この第1保存残基と第2保存残基は、好ましくは6～7残基離れている。

【0023】

次にこれらのモチーフが、いずれかの所望の抗原因由来のT細胞エпитープ、特

に、ヒト・ウイルス疾患、癌又は自己免疫疾患に関係するものであって、それについて、潜在的な抗原又は自己抗原標的のアミノ酸配列が知られているものを定義するために使用される。

多数の潜在的な標的タンパク質上のエピトープがこのやり方で同定されることができる。好適な抗原の例は、前立腺特異的抗原 (P S A)、B型肝炎コア及び表面抗原 (H B V c, H B V s)、C型肝炎抗原、E p s t e i n - B a r r ウイルス抗原、メラノーマ抗原 (例えば、M A G E - 1)、ヒト免疫不全ウイルス (H I V) 抗原、ヒト・ペピローマ・ウイルス (H P V) 抗原、ラッサ (L a s s a) ウイルス、マイコバクテリウム・チューバーキュローシス (結核菌 M T)、p 5 3, C E A、トリパノソーム表面抗原 (T S A)、及び H e r 2 / n e u を含む。

【0024】

上記抗原からのエピトープを含むペプチドを合成し、そして次に、例えば、免疫蛍光染色及びフロー・マイクロフルオロメトリー、ペプチド依存性クラス I アセンブリー・アッセイ、及びペプチド競合による C T L 認識の阻害による、例えば、純粋クラス I 分子及び放射性ヨウ素化ペプチド、及び／又は空クラス I 分子を発現する細胞を使用したアッセイにおいて、適当な M H C 分子に結合するそれらの能力についてテストする。上記クラス I 分子に結合するようなペプチドを、感染又は免疫感作された個体から得られた C T L s のための標的として働くそれらの能力について、並びに潜在的な治療剤として事実上感染した標的細胞又は腫瘍細胞と反応することができる C T L 集団を生ぜしめることができる 1 次インビトロ又はインビボ C T L 応答を誘発するそれらの能力について評価する。

【0025】

上記 M H C クラス I 抗原は、H L A - A, B、及び C 座によりコードされる。H L A - A と B 抗原は、ほぼ等しい密度において細胞表面に発現され、一方、H L A - C の発現は、有意に低い (おそらく、10-100 倍低い)。上記の座のそれぞれが、多数の対立遺伝子をもつ。本願発明のペプチド結合性モチーフは、各対立遺伝子サブタイプに比較的特異的である。

【0026】

ペプチドデータベース・ワクチンのためには、本願発明のペプチドは、好ましくは、ヒト集団において広い分布をもつMHC I 分子により認識されるモチーフを含む。このMHC対立遺伝子は、異なる人種 (ethnic groups and races)内で異なる頻度で生じるので、標的MHC対立遺伝子の選択は、その標的集団に依存することができる。表1は、異なる人種間のHLA-A座産物における各対立遺伝子の頻度を示す。例えば、白色人種集団の大多数は、4つのHLA-A対立遺伝子サブタイプ、特にHLA-A2.1, A1, A3.2、及びA24.1に結合するペプチドによりカバーされることができる。同様に、アジア人集団の大多数は、第5の対立遺伝子HLA-A11.2に結合するペプチドの付加により包含される。

【0027】

【表1】

表 1

A 対立遺伝子/サブタイプ	N(69)	A(54)	C(502)
A1	10.1(7)	1.8(1)	27.4(138)
A2.1	11.5(8)	37.0(20)	39.8(199)
A2.2	10.1(7)	0	3.3(17)
A2.3	1.4(1)	5.5(3)	0.8(4)
A2.4	-	-	-
A2.5	-	-	-
A3.1	1.4(1)	0	0.2(0)
A3.2	5.7(4)	5.5(3)	21.5(108)
A11.1	0	5.5(3)	0
A11.2	5.7(4)	31.4(17)	8.7(44)
A11.3	0	3.7(2)	0
A23	4.3(3)	-	3.9(20)
A24	2.9(2)	27.7(15)	15.3(77)
A24.2	-	-	-
A24.3	-	-	-
A25	1.4(1)	-	6.9(35)
A26.1	4.3(3)	9.2(5)	5.9(30)
A26.2	7.2(5)	-	1.0(5)
A26V	-	3.7(2)	-
A28.1	10.1(7)	-	1.6(8)
A28.2	1.4(1)	-	7.5(38)
A29.1	1.4(1)	-	1.4(7)
A29.2	10.1(7)	1.8(1)	5.3(27)
A30.1	8.6(6)	-	4.9(25)
A30.2	1.4(1)	-	0.2(1)
A30.3	7.2(5)	-	3.9(20)
A31	4.3(3)	7.4(4)	6.9(35)
A32	2.8(2)	-	7.1(36)
Aw33.1	8.6(6)	-	2.5(13)
Aw33.2	2.8(2)	16.6(9)	1.2(6)
Aw34.1	1.4(1)	-	-
Aw34.2	14.5(10)	-	0.8(4)
Aw36	5.9(4)	-	-

B. DuPont, *Immunobiology of HLA*, Vol. I, Histocompatibility Testing 1987, Springer-Verlag, New York 1989 から編集した表。

* N = ニグロイド; A = アジア人; C = 白色人種。
 カッコ内の数は上記分析に含まれる個人の数を表す。

【0028】

ペプチド化合物を記載するために使用される命名法は、以下の慣例に従う。ここで、アミノ基は、各アミノ酸残基の左（N-末端）に表され、そしてカルボキシル基は、右（C-末端）に表される。本願発明の選ばれた特定の態様を表す式においては、特に示さないが、アミノ-末端基とカルボキシル末端基は、特にこ

とわらない限り、生理学的 pH においてそれらが呈するであろう形態にある。アミノ酸構造式中、各残基は、一般的に、標準的な3文字又は1文字命名法により表される。アミノ酸残基のL-型は、大文字1文字又は3文字記号の第1の大文字で表され、そしてD-型をもつそれらアミノ酸のD型は、小文字1文字又は小文字3文字記号で表される。グリシンは、不斉炭素原子をもたず、そして単に、“Gly”又はGという。

【0029】

本願発明のペプチドを同定するために使用される手順は、一般に、Falk et al., *Nature* 351: 290 (1991) (これを、本願明細書中に援用する)中に開示された方法に従う。簡単に言えば、これらの方法は、適当な細胞又は細胞系からの、典型的には、免疫沈降又はアフィニティー・クロマトグラフィーによる、MHCクラスI分子の大規模単離を含む。当業者に等しく周知の所望のMHC分子の単離のための別法の例は、イオン交換クロマトグラフィー、レクチン・クロマトグラフィー、サイズ排除、高性能リガンド・クロマトグラフィー、及び上記技術の全ての組合せを含む。

【0030】

典型的な場合には、免疫沈降は、所望の対立遺伝子を単離するために使用される。使用される抗体の特異性に依存して、多くのプロトコルを使用することができる。例えば、対立遺伝子特異的mAb試薬が、HLA-A、HLA-B₁、及びHLA-C分子のアフィニティー精製のために使用されることができる。HLA-A分子の単離のためのいくつかのmAb試薬が入手可能である。モノクローナルBB7.2は、HLA-A2分子を単離するために好適である。標準的な技術を使用して上記mAbsにより調製されたアフィニティー・カラムは、対応のHLA-A対立遺伝子産物を精製するために首尾よく使用される。

【0031】

対立遺伝子特異的mAbsに加えて、広い反応性をもつ抗-HLA-A、B、C mAbs、例えば、W6/32とB9.12.1、及び1の抗-HLA-B、C mAb、B1.23.2が、先の出願中に記載したような他のアフィニティー精製プロトコルにおいて使用されることができであろう。

単離されたMHC分子のペプチド結合性溝に結合したペプチドは、典型的には、酸処理を使用して溶離される。ペプチドは、さまざまな標準的な変性手段、例えば、熱、pH、洗剤、塩、カオトロビズム剤、又はそれらの組合せにより、クラスI分子から解離されることもできる。

【0032】

ペプチド画分は、さらに、逆相高性能液体クロマトグラフィー (HPLC) によりMHC分子から分離され、そして配列決定される。ペプチドは、濾過、限外濾過、電気泳動、サイズ・クロマトグラフィー、特異性抗体による沈降、イオン交換クロマトグラフィー、等電点電気泳動、その他を含む、当業者によく知られた、さまざまな他の標準的な手段により分離されることができる。

【0033】

単離されたペプチドの配列決定は、標準的な技術、例えば、Edman分解(Hunkapiller, M.W., et al., Methods Enzymol. 91, 399 [1983])に従って行われることができる。配列決定のために好適な他の方法は、先に記載されたような、個体のペプチドのマス・スペクトロメトリ配列決定を含む (Hunt, et al., Science 225 : 1261 (1992)、これを本願明細書中に援用する)。異なるクラスI分子からのバルク外来ペプチド (例えば、プールされたHPLC画分) のアミノ酸配列決定は、典型的には、各クラスI対立遺伝子に特徴的な配列モチーフを表す。

【0034】

異なるクラスI対立遺伝子に特異的なモチーフの定義は、そのアミノ酸配列が知られているところの抗原性タンパク質からの潜在的ペプチド・エпитープの同定を許容する。典型的には、潜在的ペプチド・エпитープの同定は、まず、モチーフの存在について所望の抗原のアミノ酸配列を走査するためのコンピューターを使用して行われる。次に、エпитープ配列が合成される。MHCクラス分子に結合する能力は、さまざまな異なる方法で計測される。1の手段は、上記の、関連出願中に記載されたようなクラスI分子結合アッセイである。上記文献中に記載された別法は、抗原提示の阻害 (Sette, et al., J. Immunol. 141 : 3893 (1991))、インビトロ・アセンブリー・アッセイ (Townsend, et al., Cell 62 : 28

5 (1990))、及び突然変異された細胞、例えばRMA-Sを使用したFACSベースのアッセイ (Melief, et al., Eur. J. Immunol. 21 : 2963 (1991))を含む。

【0035】

次に、MHCクラスI結合アッセイにおいて陽性結果であるペプチドを、インビトロにおいて特異的CTL応答を誘導するそのペプチドの能力についてアッセイする。例えば、ペプチドと共にインキュベートされた抗原提示細胞を、応答物細胞集団内でCTL応答を誘導するその能力についてアッセイすることができる。抗原提示細胞は、正常細胞、例えば、末梢血単核細胞又は樹状細胞であることができる (Inaba, et al., J. Exp. Med. 166 : 182 (1987) ; Boog, Eur. J. Immunol. 18 : 219 [1988])。

【0036】

あるいは、内部でプロセスされたペプチドでクラスI分子をロードするそれらの能力において欠陥がある突然変異体哺乳類細胞系、例えばマウス細胞系RMA-S (Kaerre, et al., Nature, 319 : 675 (1986) ; Ljunggren, et al., Eur. J. Immunol. 21 : 2963-2970 (1991))、及びヒト体細胞T細胞ハイブリッド、T-2 (Cerundolo, et al., Nature 345 : 449-452 (1990))、並びに適当なヒト・クラスI遺伝子でトランスフェクトされている突然変異体哺乳類細胞系を、ペプチドがそれらに添加されるとき、インビトロにおける1次CTL応答を誘発するそのペプチドの能力についてテストするために、便利には使用する。使用されることができるであろう他の真核細胞系は、さまざまな昆虫細胞系、蚊の幼虫 (ATCC細胞系CCL 125, 126, 1660, 1591, 6585, 6586)、カイコ (ATCC CRL 8851)、アワヨトウ (ATCC CRL 1711)、ガ (ATCC CCL 80)、及びショウジョウバエ (Drosophila) 細胞系、例えば、Schneider 細胞系 (Schneider J. Embryol. Exp. Morphol. 27 : 353-365 [1927] 参照) を含む。

【0037】

末梢血リンパ球は、便利には、正常ドナー又は患者の単なる静脈穿刺又は白血球分離に従って分離され、そしてCTL前駆体の応答物細胞源として使用される

。1の態様においては、適当な抗原提示細胞を、適当な培養条件下4時間、無血清培地中、 $10 \sim 100 \mu\text{M}$ のペプチドと共にインキュベートする。次に、ペプチドロードされた抗原提示細胞を、最適化された培養条件下、7～10日間、インビトロにおいて応答者細胞集団と共にインキュベートする。陽性CTL活性化を、放射標識された標的細胞、すなわち、特異的ペプチドパルス化標的、並びに上記ペプチド配列がそれに由来するところの関連ウイルス又は腫瘍抗原の内因的にプロセスされた形態を発現する標的細胞の両者を殺生するCTLsの存在について上記培養物をアッセイすることにより測定することができる。

【0038】

CTLの特異性及びMHC制限を、適当な又は不適当なヒトMHCクラスIを発現する異なるペプチド標的細胞に対してテストすることにより決定する。上記MHC結合アッセイにおいて陽性結果となり、そして特異的CTL応答を生じるペプチドを、本願明細書中、免疫原性ペプチドという。

この免疫原性ペプチドを、合成により、又は組換えDNA技術により又は天然源、例えば、ウイルス又は腫瘍の全体から調製することができる。上記ペプチドは、好ましくは、他の天然宿主細胞タンパク質及びその断片を実質的に含有しないであろうが、ある態様においては、上記ペプチドは、生来の断片又は粒子に合成により結合されることができる。

【0039】

上記ポリペプチド又はペプチドは、それらの中性（無電荷）形態又は塩である形態のいずれかにおいて、さまざまな長さをもつことができ、そして修飾、グリコシル化、側鎖酸化、又はリン酸化されていないか、又はその修飾が本願明細書中に記載するようなポリペプチドの生物学的活性を破壊しないという条件に従って、これらの修飾を含むかのいずれかであることができる。

【0040】

望ましくは、上記ペプチドは、大ペプチドの生物学的活性の実質的に全てを未だ維持しながら、できるだけ小さいものであるであろう。可能な場合、細胞表面上のMHCクラスI分子に結合する内因的にプロセスされたウイルス・ペプチド又は腫瘍細胞ペプチドとサイズにおいて均合う、9又は10アミノ酸残基の長

さに、本願発明のペプチドを最適化することが望ましい。

【0041】

所望のMHC分子に結合し、かつ、適当なT細胞を活性化させる、非修飾ペプチドの生物学的活性の実質的に全てを高め又は少なくとも保持しながら、特定の望ましい特性、例えば改善された薬理学的特性を提供することが必要な場合、所望の活性をもつペプチドを修飾することができる。例えば、上記ペプチドは、そのような変化がそれらの使用においてある利点、例えば改良されたMHC結合を提供するかもしれない場合、保存的であるか非保存的であるかを問わず、さまざまな変化、例えば置換を受けることができる。保存的置換とは、あるアミノ酸残基を、生物学的及び／又は化学的に類似の他のもので置換すること、例えば、1の疎水性残基と他のものの置換、又は1の極性残基と他のものの置換を意味する。上記置換は、Gly, Ala; Val, Ile, Leu, Met; Asp, Glu; Asn, Gln; Ser, Thr; Lys, Arg; 及び Phe, Tyr の組合せを含む。単一アミノ酸置換の効果は、D-アミノ酸を使用してブロープされることもできる。このような修飾は、例えば、Merrifield, Science 232: 341-347 (1986), Barany and Merrifield, The Peptides, Gross and Meienhofer, eds. (N.Y., Academic Press), pp. 1-284 (1979) ; 及び Stewart and Young, Solid Phase Peptide Synthesis, (Rockford, Ill., Pierce), 2d Ed. (1984) (本願明細書中に援用する) 中に記載されているような、よく知られたペプチド合成手順を使用して、行われることができる。

【0042】

上記ペプチドは、その化合物のアミノ酸配列を延長し又は短縮することにより、例えば、アミノ酸の付加又は欠失により修飾されることもできる。本願発明のペプチド又はアナログは、特定の残基の順序又は組成を変えらることにより修飾されることもできる。生物学的活性に不可欠な特定のアミノ酸残基、例えば、決定的な接触部位にあるもの又は保存された残基が、一般に、生物学的活性に対する悪影響を及ぼさずに、変更されることはできないということは容易に理解される。決定的ではないアミノ酸は、タンパク質内に天然にあるもの、例えば、L- α -アミノ酸、又はそれらのD-異性体に限られる必要はないが、非天然アミノ酸

、例えば、 β - γ - δ -アミノ酸並びにL- α -アミノ酸の多くの誘導体を含むこともできる。

【0043】

典型的には、単一アミノ酸置換をもつ一連のペプチドが、結合に対する、静電荷、疎水性の効果を決定するために使用される。例えば、一連の正電荷（例えば、Lys又はArg）又は負電荷（例えば、Glu）アミノ酸置換が、さまざまなMHC及びT細胞レセプターに対する異なるパターンの感受性を現わすペプチドの長さに沿って、行われる。さらに、小さな、比較例中性の成分、例えば、Ala, Gly, Pro、又は類似の残基を使用した多置換が使用されることがができる。これらの置換は、ホモオリゴマー又はヘテロオリゴマーであることができる。置換され又は付加される残基の数とタイプは、本質的な接触点と、求められる特定の機能特性（例えば、疎水性対親水性）の間に必要な空間配置に依存する。MHC分子又はT細胞レセプターについての高い結合アフィニティーも、その親ペプチドのアフィニティーに比較して、上記のような置換により達成されることができる。いずれの場合も、このような置換は、例えば、結合を破壊するかもしれない、立体的及び電気的妨害を回避するように選ばれる、アミノ酸残基又は他の分子断片を使用すべきである。

【0044】

アミノ酸置換は、典型的には、単一の残基を有する。置換、欠失、挿入、又はそのいずれかの組合せは、最終ペプチドを達成するように組み合わせられることができる。置換変異体は、ペプチドの少なくとも1の残基が除去されており、そして異なる残基がその場所に挿入されているようなものである。このような置換は、一般に、そのペプチドの特性を細かく調節することが望ましいとき、以下の表2に従って行われる。

【0045】

【表2】

表 2

<u>元の残基</u>	<u>例示的置換</u>
Ala	Ser
Arg	Lys, His
Asn	Gln
Asp	Glu
Cys	Ser
Gln	Asn
Glu	Asp
Gly	Pro
His	Lys; Arg
Ile	Leu; Val
Leu	Ile; Val
Lys	Arg; His
Met	Leu; Ile
Phe	Tyr; Trp
Ser	Thr
Thr	Ser
Trp	Tyr; Phe
Tyr	Trp; Phe
Val	Ile; Leu
Pro	Gly

【0046】

機能（例えば、MHC分子又はT細胞レセプターについてのアフィニティー）における実質的な変更は、表2中のものより保存性ではない置換を選択することにより、すなわち、（a）例えば、シート又はヘリカル立体配置のような、その置換の領域内のペプチド骨格の構造、（b）標的部位におけるその分子の電荷又

は疎水性、又は(c)側鎖の嵩、を維持することに対するそれらの効果においてより有意に異なる残基を選択することにより、行われる。一般に、ペプチド特性において最大の変化を作り出すと予想される置換は、(a)親水性残基、例えばセリルが、疎水性残基、例えばロイシル、イソロイシル、フェニルアラニル、バリル、又はアラニルにより置換されたもの；(b)正電荷を有する側鎖をもつ残基、例えば、リジル、アルギニル又はヒスチジルが、負電荷を有する残基；例えば、グルタミル又はアスパルチルにより置換されたもの；又は(c)嵩高い側鎖をもつ残基、例えば、フェニルアラニンが、側鎖をもたない残基、例えば、グリシンにより置換されたものであるであろう。

【0047】

上記ペプチドは、免疫原性ペプチド内に2以上の残基のアイソスター(isosteres)を含むこともできる。本願明細書中に定義するとき、アイソスターとは、第2の配列で置換されることができる2以上の残基の配列である。なぜなら、第1の配列の立体配置が第2の配列に特異的な結合部位にフィットするからである。上記用語“特異的に”とは、当業者によく知られたペプチド骨格修飾を含む。このような修飾は、アミド窒素、 α -炭素、アミド・カルボニル、アミド結合の完全置換、伸長、欠失又は骨格架橋の修飾を含む。一般に、Spatola, Chemistry and Biochemistry of Amino Acids, peptides and Proteins, Vol. V II (Weinstein ed., 1983)を参照のこと。

【0048】

さまざまなアミノ酸状態又は非天然アミノ酸によるペプチドの修飾は、インビボにおけるそのペプチドの安定性を高めるに際し特に有用である。安定性は多くの方法でアッセイされることができる。例えば、ペプチダーゼ及びさまざまな生物学的媒質、例えば、ヒト血清及び血清が安定性をテストするために使用されてきた。例えば、Verhoef et al., Eur. J. Drug Metab. Pharmacokin, 11 : 291-302 (1986)を参照のこと。本願発明のペプチドの半減期は、便利には25%ヒト血清(v/v)アッセイを使用して測定される。このプロトコールは一般に以下のものである。プールされたヒト血清(AB型、非加熱失活)を、使用前に遠心分離により脱脂する。次に、この血清を、RPMI組織培養基で25%に希釈

し、そしてペプチド安定性をテストするために使用する。所定の時間間隔において、少量の反応溶液を除去し、そして6%水性トリクロロ酢酸又はエタノールのいずれかに添加する。濁った反応サンプルを15分間、冷却し(4℃)、そして次にその沈殿した血清タンパク質をペレット化するために回転させる。次に、そのペプチドの存在を、安定性-特異的クロマトグラフィー条件を使用して逆相HPLCにより測定する。

【0049】

CTL 刺激活性をもつ本願発明のペプチド又はそのアナログを、改良された血清半減期以外の所望の特性を提供するように修飾することができる。例えば、CTL 活性を誘発する上記ペプチドの能力を、Tヘルパー細胞応答を誘発することができる少なくとも1のエピトープを含む配列への連結により高めることができる。特に好ましい免疫原性ペプチド/Tヘルパー抱合体 (conjugates) はスパーサー分子により連結される。このスパーサーは、典型的には、生理学的条件下で、実質的に変えられていない、比較的小さな、中性の分子、例えば、アミノ酸又はアミノ酸凝態から成る。これらのスパーサーは、典型的には、例えば、Ala, Gly、又は非極性アミノ酸又は中性極性アミノ酸の他の中性スパーサーから選ばれる。場合により存在するスパーサーは、同一残基から成る必要はなく、そしてこれ故、ヘテロー又はホモオリゴマーであることができるということが理解されよう。存在するとき、スパーサーは、通常、少なくとも1又は2の残基、より普通には、3~6の残基であるであろう。あるいは、上記CTLペプチドは、スパーサーを伴わずにTヘルパー・ペプチドに連結されることができる。

【0050】

上記免疫原性ペプチドは、上記CTLペプチドのアミノ又はカルボキシ末端のいずれかにおいて直接的にか又はスパーサーを介して、Tヘルパー・ペプチドに連結されるすることができる。上記免疫原性ペプチド又はTヘルパー・ペプチドのいずれかのアミノ末端はアシル化されることができる。例示的なTヘルパー・ペプチドは破傷風 (tetanus) 毒素830-843、インフルエンザ307-319、マラリア・サーカンスポロゾイド (circumsporozoite

) 382-398及び378-389を含む。

【0051】

ある態様においては、CTLをブライムする少なくとも1の成分を、本願発明の医薬組成物中に含むことが望ましい。脂質は、ウイルス抗原に対してインビボにおいてCTLをブライムすることができる剤として同定されている。例えば、パルミチン酸残基は、Lys残基のアルファ及びエプシロン・アミノ基に結合されることができ、そして次に、例えば、1以上のリンキング残基、例えば、Gly, Gly-Gly, Ser, Ser-Ser、その他を介して、免疫原性ペプチドに連結されることができる。次に、この脂質化ペプチドは、ミセル形態で直接に注射され、リボソーム内に取り込まれ、又はアジュバント、例えば、不完全 Freund's アジュバント中に乳化されることができる。好ましい態様においては、特に有効な免疫原は、リンケージ、例えば、Ser-Serを介して、上記免疫原性ペプチドのアミノ末端に結合されたLysのアルファ及びエプシロン・アミノ基に付着されたパルミチン酸を含む。

【0052】

CTL応答の脂質刺激の別例として、E. コリ (E. coli) リポタンパク質、例えばトリパルミトイル-S-グリセリルシステイニルセリル-セリン (P₃ CSS) を、適当なペプチドに共有結合させてウイルス特異的CTLを刺激するのに用いることができる。Deres 他、Nature 342 : 561-564 (1989) を参照のこと (これは参考として本明細書中に組み入れられる)。本発明のペプチドは、例えば P₃ CSS に結合させてリポペプチドとして個体に投与することにより、標的抗原に対するCTL応答を特異的に刺激することができる。更に、適当なエピトープを提示するペプチドに結合させた P₃ CSS により中和抗体の誘導も刺激することができるので、2つの組成物を組み合わせることによって、感染に対する体液性応答と細胞性応答の両方を一層効率的に惹起せしめることができる。

【0053】

その上、ペプチドを互いに連結する簡便性、担体支持体もしくは大型ペプチドへの結合、ペプチドもしくはオリゴペプチドの物理的もしくは化学的性質の変更などに備えて、ペプチドの末端に追加のアミノ酸を付加することができる。チロ

シン、システイン、リジン、グルタミン酸またはアスパラギン酸等のようなアミノ酸を、ペプチドまたはオリゴペプチドのC末端またはN末端に導入することができる。C末端での修飾は、場合によりペプチドの結合特性を変更することができる。その上、ペプチドまたはオリゴペプチド配列は、末端NH₂のアシル化、例えばアルカノイル(C₁ - C₂₀)もしくはチオグリコリルアセチル化、末端カルボキシルアミド化、例えばアンモニア、メチルアミン等によって修飾することにより、生来の配列と異なることができる。場合により、それらの修飾が支持体または別の分子への結合のための部位を提供することができる。

【0054】

本発明のペプチドは様々な方法で調製することができる。それらが比較的短いサイズであるために、常用技術に従って溶液中でまたは固体支持体上でペプチドを合成することが可能である。様々な自動合成装置が市販されており、既知のプロトコルに従って利用できる。例えば、Stewart & Young, Solid Phase Peptide Synthesis、第2版、Pierce Chemical Co. (1984)前掲を参照のこと。

【0055】

あるいは、組換えDNA技術を使用してもよい。その場合、着目の免疫原性ペプチドをコードするヌクレオチド配列を発現ベクターに挿入し、該発現ベクターを用いて適当な宿主細胞を形質転換またはトランスフェクションさせ、そしてそれらの細胞を発現に適した条件下で培養する。このような手法は当該技術分野で一般に周知であり、Sambrook他, Molecular Cloning. A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Press, Cold Spring Harbor, New York (1982)に総説されている（これは参考として本明細書中に組み込まれる）。よって、本発明は、適当なT細胞エピトープを提示させるために1または複数の本発明のペプチド配列を含んで成る融合タンパク質を用いることができる。

【0056】

本発明において期待される長さのペプチドのコード配列は化学技術により、例えばMatteucci 他、J. Am. Chem. Soc. 103 : 3185 (1981) のホスホトリエステル法により合成することができるので、生来のペプチド配列をコードする1または複数の塩基を適当な塩基によって置き換えることにより、簡単に修飾を行うこ

とができる。次いでコード配列に適当なリンカーを提供し、当該技術分野で商業的に入手可能である発現ベクター中に連結し、そして該ベクターを用いて適当な宿主を形質転換せしめることにより、所望の融合タンパク質を生産させることができる。そのようなベクターと適当な宿主系は現在多数入手できる。融合タンパク質の発現には、作用可能に連結された開始および終止コドン、プロモーターおよびターミネーター領域並びに通常は複製系をコード配列に提供して、所望の細胞宿主中での発現に向けて発現ベクターが用意されるだろう。例えば、所望のコード配列の挿入に便利な制限部位を含むプラスミドの中に、細菌宿主と適合性のプロモーター配列が用意されるだろう。得られた発現ベクターを用いて適当な細菌宿主が形質転換される。もちろん、適当なベクターと調節配列を使うことによって酵母や哺乳動物細胞宿主を使用することもできる。

【0057】

本発明のペプチド並びにその医薬組成物およびワクチン組成物は、ウイルス感染や癌を治療および／または予防するため、哺乳動物、特にヒトへの投与に有用である。本発明の免疫原性ペプチドを使って治療できる疾病の例としては、前立腺癌、B型肝炎、C型肝炎、エイズ（AIDS）、腎臓癌、子宮頸癌、リンパ腫、CMV、尖圭コンジローム（condyloma acuminatum）が挙げられる。

【0058】

医薬組成物の場合、本発明の免疫原性ペプチドは既に着目のウイルスに感染しているかまたは癌にかかっている個体に投与される。感染の潜伏期または急性期の個体は、適当ならば、個別にまたは別の治療と組み合わせて免疫原性ペプチドで治療することができる。治療用途では、組成物はウイルスまたは腫瘍抗原に対して有効なCTL応答を惹起せしめ、そして症状および／または合併症を治療させるかまたは少なくとも緩和するのに十分な量で患者に投与される。これを達成するのに十分な量は「治療有効量」として定義される。この用途に有効な量は、例えばペプチド組成、投与の方法、治療すべき病気の段階および重症度、患者の体重および総合的な健康状態、並びに担当医の判断に依存するだろうが、通常は70kgの患者に対して約1.0 μ g～約5000 μ gのペプチドの初回量（すなわち治療または予防投与）に続き、患者の血液中的の特異的CTL活性を測定する

ことにより、患者の応答や状況に応じて数週間から数ヶ月に及ぶ追加免疫処置に従って約 $1.0 \mu\text{g}$ ～約 $1000 \mu\text{g}$ のペプチドの追加抗原投与量が用いられる。本発明のペプチドおよび組成物は一般に深刻な病状状態、すなわち生命を脅かすかまたは潜在的に生命を脅かす状態に使用できることを念頭におかなければならない。そのような場合には、該ペプチドが相対的に非毒性であり且つ外来物質が最少である点から見て、それらのペプチド組成物の実質的過剰量を投与することが可能であり且つまた望ましいと治療医は感じるかもしれない。

【0059】

治療用途では、ウイルス感染の最初の徴候時または腫瘍の検出もしくは外科的切除時または急性感染の場合には診断直後に、投与を開始すべきである。この後で少なくとも症状が実質的に治まるまでそして更にその後一定期間に渡り、追加免疫処置が行われる。慢性感染の場合、負荷投与量に続いて追加抗原投与量が必要となり得る。

【0060】

本発明の組成物による感染個体の処置は、急性感染個体において感染の消退を早めることができる。慢性感染を発生しやすい（または慢性感染にかかりやすい）個体の場合、急性感染から慢性感染への進行を防ぐ方法において本発明の組成物が特に有用である。例えば本明細書中に記載するように感受性個体が感染前にまたは途中で同定される場合、本発明の組成物をそのような個体に特異的に差し向ける（ターゲッティングする）ことができ、より大きい母集団に投与する必要性を最少にすることができる。

【0061】

ペプチド組成物は、慢性感染の治療のためにおよび免疫系を刺激してウイルス保持者においてウイルス感染細胞を除去するために用いることができる。細胞傷害性T細胞応答を効率的に刺激するのに十分な製剤中の免疫強化ペプチド量および投与方法を提供することが重要である。よって、慢性感染の治療の場合、典型的な投与量は1回あたり体重 70 kg の患者に対して約 $1.0 \mu\text{g}$ ～約 $5000 \mu\text{g}$ 、好ましくは約 $5 \sim 1000 \mu\text{g}$ の範囲内である。

【0062】

免疫量に続いて、決められた間隔、例えば1～4週間おきでの追加抗原投与量がおそらく個体を効率的に免疫処置するためには更に長期間に渡り、必要となり得る。慢性感染の場合、少なくとも臨床症状または実験検査の上でウイルス感染が排除されたことまたは実質的に消散したことが示されるまで、そして更にその後も一定期間に渡り、投与を続けるべきである。

【0063】

治療処置用の医薬組成物は、非経口、局所、経口または局部投与用に製造される。好ましくは、医薬組成物は非経口、例えば静脈内、皮下、皮内または筋内に投与される。よって、本発明は、適当な担体、好ましくは水性担体中に溶解または懸濁された免疫原性ペプチドの溶液を含んで成る非経口投与用組成物を提供する。様々な水性担体、例えば水、緩衝水、0.8%食塩水、0.3%グリシン、ヒアルロン酸などを使用することができる。それらの組成物は、常用の周知滅菌技術により滅菌することができ、または滅菌ろ過してもよい。得られた水性溶液はそのままの状態での使用のために包装するか、または凍結乾燥することができ、凍結乾燥製剤は投与前に無菌溶液と混合することができる。組成物は、生理的条件下に近づけるのに必要な医薬上許容される補助物質、例えばpH調整剤および緩衝剤、毒性調整剤、湿潤剤など、例えば酢酸ナトリウム、乳酸ナトリウム、塩化ナトリウム、塩化カリウム、塩化カルシウム、モノラウリン酸ソルビタン、トリエタノールアミン、オレイン酸トリエタノールアミン等を含んでもよい。

【0064】

医薬組成物中の本発明のCTL刺激ペプチドの濃度は広範囲に渡って異なり、すなわち、約0.1重量%未満、通常少なくともまたは約2重量%から、20～50重量%ほどにまで及び、そしてそれは選択した特定の投与方法に従って、例えば主に液量、粘度などにより選択決定されるだろう。

本発明のペプチドはリボソームを介して投与することができる。リボソームは、リンパ系組織のような特定組織に該ペプチドを差し向けるか、または感染細胞に特異的に差し向ける働きをするだけでなく、更にペプチド組成物の半減期も増加させる働きをする。リボソームは、乳濁液、フォーム、ミセル、不溶性単分子層、液晶、リン脂質分散体、多層膜などを包含する。送達させようとするペプチ

ドは、単独でまたはそれに結合する分子と共に、例えばリン系細胞中に広く存在するレセプター、例えばCD45抗原に結合するモノクローナル抗体と共に、リボソームの一部としてそれらの製剤中に混和される。本発明で用いられるリボソームは、通常は中性リン脂質および負電荷を有するリン脂質とステロール、例えばコレステロールとを含んで成る、標準的な小胞形成性脂質から構成される。脂質の選択は、例えばリボソームの大きさ、酸不安定性および血流中でのリボソームの安定性を考慮することにより行われる。リボソームの調製には様々な方法、例えばSzoka 他、Ann. Rev. Biophys. Bioeng. 9 : 467 (1980)、米国特許第4,235,871号、同第4,501,728号、同第4,837,028号および同第5,019,369号明細書（これらは参考として本明細書中に組み込まれる）に記載のような方法が利用可能である。

【0065】

免疫細胞をターゲティングするために、リボソーム中に混和させるべきリガンドとしては、例えば、所望の免疫系細胞の細胞表面決定基に特異的な抗体またはその断片が挙げられる。ペプチドを含有するリボソーム懸濁液は、特に投与形式、送達させようとするペプチドおよび治療すべき疾病の段階に従って異なる投与量で、静脈内、局所、局部等に投与される。

【0066】

固体組成物には、例えば薬用マンニトール、ラクトース、デンプン、ステアリン酸マグネシウム、サッカリンナトリウム、タルク、セルロース、グルコース、ショ糖、炭酸マグネシウム等をはじめとする常用の非毒性固形担体を使用することができる。経口投与用には、常用される賦形剤、例えば前に列挙した担体のいずれかと、通常は10～95%の活性成分、すなわち1または複数の本発明のペプチド、好ましくは25%～75%の濃度の本発明のペプチドを含めることにより、医薬上許容される非毒性組成物が調製される。

【0067】

エアロゾル投与には、好ましくは界面活性剤と噴射剤と一緒に、微粉末の形で本発明の免疫原性ペプチドが提供される。典型的なペプチドの割合は、0.01重量%～20重量%、好ましくは1重量%～10重量%である。もちろん、界面

活性剤は非毒性でなければならず、噴射剤中に可溶であるのが好ましい。そのような剤の典型例は、炭素原子数6～22の脂肪酸（例えばカプロン酸、オクタン酸、ラウリン酸、バルミチン酸、ステアリン酸、リノール酸、リノレン酸、オレステリン酸およびオレイン酸）と脂肪族多価アルコールまたはその環状無水物とのエステルまたは部分エステルである。混合エステル、例えば混合グリセリドまたは天然グリセリドを使用してもよい。界面活性剤は組成物の0.1重量%～20重量%、好ましくは0.25～5重量%を占めるだろう。組成物の平衡は大抵は噴射剤で行う。所望により担体を含めてもよく、経鼻投与にはレシチンを含めてもよい。

【0068】

別の観点において、本発明は活性成分として本明細書に記載の免疫学的に有効な量の免疫原性ペプチドを含むワクチンに関連する。かかるペプチドはヒト等の宿主に、それ自体の担体に連結されて、又は活性ペプチド単位ホモポリマーもしくはヘテロポリマーとして導入されうる。かかるポリマーは増強された免疫学的反応の利点、及び種々のペプチドをこのポリマーの構築のために使用した場合、ウイルス又は腫瘍細胞の種々の抗原決定基と反応する抗体及び／又はCTLを誘導する追加の能力という利点を有する。有用な担体は当業界において周知であり、そして例えばチログロブリン、アルブミン、例えばヒト血清アルブミン、破傷風毒素、ポリアミノ酸、例えばポリ（リジン：グルタミン酸）、インフレンザ、B型肝炎ウイルスコアタンパク質、B型肝炎ウイルス組換えワクチン等が挙げられる。これらのワクチンは更に生理学的に寛容（許容）される希釈剤、例えば水、リン酸緩衝食塩水、又は食塩水を含んでよく、そして更に典型的にはアジュバントを含む。アジュバント、例えば不完全フロインドアジュバント、リン酸アルミニウム、水酸化アルミニウム又はみょうばんは当業界において周知の材料である。また、前述の通り、CTL応答は本発明のペプチドを脂質、例えばPS、CSに接合させることによりブライミングされることができる。本明細書に記載のペプチド組成物による、注射、エアゾール、経口、経皮又はその他のルートを介する免疫により、宿主の免疫系はこのワクチンに対し所望の抗原に特異的な大量のCTLを産生することにより応答し、そしてこの宿主は少なくともその後の感

染に対して部分的に免疫されるか、又は慢性感染症の発症に対して耐性となる。

【0069】

本発明のペプチドを含むワクチン組成物はウイルス感染症又は癌に対して感受性である又はそうでなければそれらに罹るおそれのある患者に投与され、抗原に対する免疫応答を誘導せしめ、その結果患者自身の免疫応答能力を強める。かかる量は「免疫学的に有効な用量」と定義される。使用の際、正確な量はここでも患者の健康状態及び体重、投与の方式、製剤の種類、等に依存するが、一般的な範囲は体重70kgの患者当り約1.0 μ g～約5,000 μ g、より一般的には体重70kgの患者当り約10 μ g～約500 μ g mgである。

【0070】

状況によっては、本発明のペプチドワクチンを、注目のウイルス、特にウイルスエンベロープ抗原に対する中和抗体応答を誘導するワクチンと組合せることが所望されうる。

治療的又は免疫的目的のため、本発明の1又は複数のペプチドをコードする核酸を患者に投与してもよい。核酸を患者に導入するにはいくつかの方法が好適に利用される。例えば、核酸は「裸DNA」として直接導入できうる。このアプローチは例えばWolff ら、*Science* 247: 1465-1468 (1990)並びに米国特許第5,580,859号及び同第5,589,466号に記載されている。核酸はまた例えば米国特許第5,204,253号に記載されているようにバリスチック導入を利用して投与してもよい。DNAだけを含む粒子を投与してよい。他方、DNAを粒子、例えば金粒子に付着させてよい。核酸はカチオン化合物、例えばカチオン脂質に複合させて導入してもよい。脂質媒介式遺伝子導入法は例えばWO96/18372; WO93/24640; Mannino and Gould-Fogerite (1988) *BioTechniques* 6 (7): 682-691; Rose米国特許第5,279,833号; WO91/06303; 及びFelgner ら (1987) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 84: 7413-7414に記載されている。本発明のペプチドは弱毒化ウイルス宿主、例えばワクシニア又はフォウルボックスを介して発現させることもできうる。このアプローチは本発明のペプチドをコードするスクレオチド配列を発現するためのベクターとしてのワクシニアウイルスの利用を包含する。急性もしくは慢性感染

宿主又は感染していない宿主への導入により、組換ワクシニアウイルスは免疫原性ペプチドを発現し、それ故宿主のCTL応答を誘導する。免疫プロトコールに有用なワクシニアベクター及び方法は例えば引用することで本明細書に組入れる米国特許第4,722,848号に記載されている。その他のベクターはBCG (バチル・カルメッテ・グエリン: *Bacille Calmette Guerin*)である。BCGベクターは引用することで本明細書に組入れるStoverら (*Nature* 351: 456-460 (1991))に記載されている。本発明のペプチドの治療的な投与又は免疫のために有用な多種多様なその他のベクター、例えばサルモネラ・チフィ (*Salmonella typhi*)ベクター等は本明細書の説明から当業者に明らかとなるであろう。

【0071】

本発明のペプチドをコードする核酸を投与する好適な手段は本発明の多重エピトープをコードするミニジーン構築体を利用する。ヒト細胞における発現のための選定のCTLエピトープをコードするDNA配列(ミニジーン)を構築するため、このエピトープのアミノ酸配列を逆転写させる。各アミノ酸についてのコドン選択のガイドのため、ヒトコドン用法表を使用する。このようなエピトープをコードするDNA配列は直接連結し、連続ポリペプチド配列を構築する。発現及び/又は免疫原性の最適化を図るため、このミニジーンデザインの中に追加の要素を組み込んでよい。逆転写され、そしてこのミニジーン配列の中に含ませることのできるアミノ酸配列の例には：ヘルパーTリンパ球エピトープ、リーダー(シグナル)配列、及び小胞体固定配列が挙げられる。更に、CTLエピトープのMHC提示はCTLエピトープの隣りに合成(例えばポリアラニン)又は天然隣接配列を含ませることにより向上しうる。

【0072】

ミニジーン配列はミニジーンの前及び後の鎖をコードするオリゴヌクレオチドを集成させることによりDNAへと変換される。周知の技術を利用して重複オリゴヌクレオチド(長さ30~100塩基)を合成し、リン酸化し、精製し、そして適当な条件下でアニーリングさせる。オリゴヌクレオチドの末端はT4 DNAリガーゼを用いて連結させる。CTLエピトープポリペプチドをコードするこの合成ミニジーンを次に所望の発現ベクターの中にクローニングすることができ

る。

【0073】

当業者に周知の標準的な調節配列をベクターの中に含ませ、標的細胞内での発現を確実なものとする。いくつかのベクター要素が必要とされる：ミニジーン挿入のための下流クロニング部位を有するプロモーター；効率的な転写終止のためのポリアデニル化シグナル；E. コリ (E. coli)複製起点；及びE. コリ選択マーカー（例えば、アンピシリン又はカナマイシン耐性）。この目的のために数多くのプロモーター、例えばヒトサイトメガロウイルス (hCMV) プロモーターが使用できる。その他の適当なプロモーター配列については、米国特許第5, 580, 859号及び同第5, 589, 466号を参照のこと。

【0074】

ミニジーン発現及び免疫原性の最適化を図るために追加のベクター修飾が所望されうる。状況によっては、効率的な遺伝子発現のためにイントロンが必要とされ、そして1又は複数の合成又は天然イントロンをミニジーン転写領域の中に組込んでよい。mRNA安定化配列の組込みもミニジーン発現のために考慮されうる。DNAワクチンの免疫原性において免疫刺激配列 (ISS又はCpGs) が一役かっていることが最近になって提唱されている。このような配列は、免疫原性を高めることが認められているのなら、ベクターの中に、ミニジーンコード配列の外側にて含ませてよい。

【0075】

ある態様においては、ミニジーンコードエピトープの生産と免疫原性を強化又は低下するために含ませる第二タンパク質の生産とを可能とするバイシストロン発現ベクターを使用することができる。同時発現されると免疫応答を有利に増強しうるタンパク質又はポリペプチドの例にはサイトカイン（例えばIL2, IL12, GM-CSF）、サイトカイン誘導性分子（例えばLeIF）、又は共刺激分子が挙げられる。ヘルパー (HTL) エピトープを細胞内ターゲティングシグナルに連結し、そしてCTLエピトープとは独立に発現させることができる。これはHTLエピトープの、CTLエピトープ以外の細胞区画への誘導を可能とするであろう。適宜、これはHTLエピトープのMHCクラスII経路へのより

効率的な進入を促進し、それ故CTL誘導を向上させる。CTL誘導に反し、免疫抑制分子（例えばTGF- β ）の同時発現による免疫応答の特異的な下降が所定の疾患において有利でありうる。

【0076】

発現ベクターが選定できたら、ミニジーンをプロモーター下流のポリリンカー領域にクローニングする。このプラスミドを適当なE. コリ株に形質転換せしめ、そして標準の技術を利用してDNAを調製する。ミニジーン及びこのベクター内に含まれているその他の要素の配向及びDNA配列を制限マッピング及びDNA配列分析により確認する。適正なプラスミドが定着した細菌細胞をマスター細胞バンク及び作業用細胞バンクとして保存することができる。

【0077】

治療的な量のプラスミドDNAはE. コリの発酵、しかる後の精製により生産される。作業用細胞バンク由来のアリコートを発酵培地（例えばTerrific Broth）の接種に用い、そして周知の技術に従ってシェーカーフラスコ又はバイオリアクター内で飽和に至るまで増殖させる。プラスミドDNAは標準のバイオ分離技術、例えばQuiaGen供給の固相アニオン交換樹脂を利用して精製できる。必要なら、スーパーコイルDNAをゲル電気泳動又はその他の方法を利用して開環又は線形形態から単離できる。

【0078】

精製プラスミドDNAは様々な製剤を利用して注射用に調製できる。その最も簡単なものは、無菌リン酸緩衝食塩水（PBS）中での凍結乾燥DNAの再構築である。様々な方法が発表され、そして新たな技術が有用となってきた。前述の通り、核酸はカチオン脂質で簡単に調剤される。更に、集約的に保護性、相互作用性、非凝縮性（PINIC）と称される糖脂質、フソゲンリボソーム、ペプチド及び化合物を精製プラスミドDNAに複合させ、変動因子、例えば安定性、筋肉内分散性、又は特定の器官もしくは細胞タイプへの輸送性を左右させることができる。

【0079】

標的細胞の感作をミニジーンコードCTLエピトープの発現及びMHCクラス

I 提示の機能的アッセイのために利用できうる。プラスミドDNAを標準のCTLクロム放出アッセイのための標的として適切な哺乳動物細胞系の中に導入する。使用するトランスフェクション方法は最終製剤に依存するであろう。「裸」DNAのためにはエレクトロポレーションを利用でき、一方カチオン脂質は直接 *in vitro* トランスフェクションを可能とする。グリーンフルオロセントタンパク質 (GFP) を発現するプラスミドを同時トランスフェクションし、蛍光活性セルソーティング (FACS) を利用することでトランスフェクション細胞の富化が可能となる。このような細胞を次いでクロム-51ラベルし、そしてエпитープ特異的CTL系のための標的細胞として用いる。51Cr放出により検出される細胞溶解はミニジーンコードCTLエпитープのMHC提示の結果を示唆する。

【0080】

in vivo 免疫原性はミニジーンDNA製剤の機能試験のための第二のアプローチである。適当なヒトMHC分子を発現する遺伝子導入マウスをこのDNA生成物で免疫する。用量及び投与ルートは製剤依存性である (例えば、PBS中のDNAは1M、脂質複合DNAは1P)。免疫の2日後、脾臓細胞を回収し、そして試験すべき各々のエпитープをコードするペプチドの存在下で1週間再刺激する。これらのエフェクター細胞 (CTL) を標準の技術を利用してペプチド負荷クロム-51ラベル化標的細胞の細胞溶解についてアッセイする。ミニジーンコードエпитープに対応するペプチドのMHC負荷により感作された標的細胞の溶解は、CTLの *in vivo* 誘導についてのDNAワクチンの機能を証明する。

【0081】

抗原性ペプチドは同様にCTLを *ex vivo* で誘導するのに利用されうる。得られるCTLはその他の慣用の治療形態に応答しない、又はペプチドワクチン治療アプローチに応答しないであろう患者の慢性感染症 (ウイルス性又は細菌性) 又は腫瘍の処置に利用できる。特定の病原体 (感染因子又は腫瘍抗原) に対する *ex vivo* CTL応答を組織培養物において患者のCTL前駆細胞 (CTLp) を抗原提示細胞 (APC) の起源及び適当な免疫原性ペプチドと一緒に

にインキュベーションすることにより誘導する。CTL pが活性化して成熟し、そしてエフェクターCTLへと発達するのに適当なインキュベーション時間経過後（典型的には1～4週間）、細胞を患者に戻し、そこでそれらはその特定の標的細胞（感染細胞又は腫瘍細胞）を破壊するであろう。

【0082】

これらのペプチドは診断試薬としての用途も認められうる。例えば、本発明のペプチドは当該ペプチド又は近縁のペプチドを採用する処置養生法に対する特定の個体の感受性を決定するために利用されることができ、かくして現行の処置プロトコルを改訂するのに、又は冒された個体の予後を決定するのに有用でありうる。更に、これらのペプチドは慢性感染症の発症について相当のおそれのあるであろう個体を予測するのに利用できうる。

【0083】

以下の実施例は例示であり、本発明を限定するものではない。

実施例 1

クラス I 抗原の単離は前述の関連出願に記載の通りに実施した。それに記載の通りに天然プロセシングされたペプチドを単離し、そして配列決定した。アレル特異的モチーフ及びアルゴリズムも決定し、そして定量結合アッセイを実施した。

【0084】

様々なHLAアレルについての上記同定モチーフを利用し、多数の抗原由来のアミノ酸配列をこれらのモチーフの存在について分析した。表3-''はこれらのサーチの結果を供与する。

上記例は本発明の例示であり、本発明の範囲を限定しない。本発明のその他の変異体は当業者に自明であり、本発明に包含される。全ての公開物、特許及び特許出願は引用することで本明細書に組入れる。

【0085】

【表3】

表 3

配列	抗原	分子
FTFSPTYKAFLSK	HBV	POL
GTLPQEHIVLKLK	HBV	POL
FTFSPTYKAFLCK	HBV	POL
GTLPQEHIVLKIK	HBV	POL
LVVSYVNTNMGLK	HBV	POL
STIDLEAYFKDCLFK	HBV	X
LVVSYVNVNMGLK	HBV	NUC
GTLPQDHIVQKIK	HBV	POL
STSSCLHQSAVRK	HBV	POL
TTVNAHQILPKVLHK	HBV	X
RTPAEVTGGVFLVDK	HBV	POL

【0086】

【表4】

表3 (つづき)

配列	抗原	分子
MTTNFASK	HBV aya	
FTFSPTTK	HBV aya	
PTYKAFICKQY	HBVaya	
CTTPAQGTSMY	HBVaya	
PTSCPPICPGY	HBVaya	
FSQFSRGNY	HBVaya	
LMPLYACIOSK	HBVaya	
RVTGGVFLVDK	HBVaya	POL
HTLWKAGILYK	HBVaya	
QTRHYLHTLWK	HBVaya	
GTDSVVLGRK	HBVaya	
SYVNTNMGLEKF	HBVaya	
LYSILSPF	HBVaya	
WYWGPSLYSIL	HBVaya	
LYSILSPFLPL	HBVaya	
PYKEFGATVEL	HBVaya	
CTWNSITGFIK	HCV	
MYVSDLCGSVF	HCV	
VVLLPRGPEL	HCV	
ITKIONFRVYY	HIV	
KVYLAWVPAHK	HIV	
KMIGGIGGFIK	HIV	
IVASCDKQQLK	HIV	
KVKQWPLTEK	HIV	
TVNDIQKLAVGK	HIV	
DVKQLTEAVQK	HIV	
AVTIQNSDIK	HIV	
WTYQIYCEPFK	HIV	
VTVYYGVFWK	HIV	
LTEDRWNKPKK	HIV	
ATDIQTRELQK	HIV	
QTNELQKQITK	HIV	

【0087】

【表5】

表3 (つづき)

配列	抗原	分子
WTVPFVLPK	HIV	
QVPLRPMTYK	HIV nef 73-82	
QVPLYPMTFK	HIV nef 73-82	
VPLRPMTYK	HIV nef 74-82	
AVDLYHFLK	HIV nef 84-94	
AVDLSHFLK	HIV nef 84-94	
ATLYCVHOR	HIV, p17, 82-90	
RLRDLLIV	HIV-1 NL43 768-776	
RLRDLLIVTR	HIV-1 NL43 768-778	
RLRDYLLIVTR	HIV-1 NL43 768-778	
LRDLLIVTR	HIV-1 NL43 769-778	
QIQEPPFNK	HIV-1 RT 507-517	
AVFINPK	HIVcon	
RTLNAMVK	HIVcon	
ETAYFLLK	HIVcon	
RLRPGGKK	HIVgag p17/2	
KIRLRPGGKK	HIVgag p17/2	
KIRLRPGK	HIVgag p17/2	
ETIDLCY	HPV16	E7
STIGTVCPCSCK	HPV16	E7

【0088】

【表6】

表3 (つづき)

配列	抗原	分子
LMGTLGIIVCPICSQK	HPV16	E7
AVCDKCLK	HPV16	E6
PIAVCDKCLKP	HPV16	E6
NYCYSLVGTLL	HPV16	E6
FYSRIREL	HPV16	E6
TLEKLTMTGLY	HPV18	E6
KTVLELTVFEPFAFK	HPV18	E6
TMLCMCCK	HPV18	E7
NTSLQDIEITCVYCK	HPV18	E6
EVFEPFAFK	HPV18	E6
KQSSKALQR	白血病	p3A2 CMI
ATGFFKQSSK	白血病	p3A2 CMI
NSATGFKQSSK	白血病	p3A2 CMI
FKQSSKALQR	白血病	p3A2 CMI
VTCLGLSY	MAGE1	
ITKKVADLVGFLLK	MAGE1	
LVGFLLK	MAGE1	
VTKAEMLESVIKQYK	MAGE1	
TSCILESFR	MAGE1	
NYKCFPEI	MAGE1	
SYVLVTCL	MAGE1	
ETDPISHTY	MAGE1 (a)	
ETDPTSHLY	MAGE1 (a)	
ETDPTSNLY	MAGE1 (a)	
ETDPTSHVY	MAGE1 (a)	
ETDPTSHSY	MAGE1 (a)	
ETDPASHTY	MAGE1 (a)	
EVDPTSHTY	MAGE1 (a)	
ETDPTGHTY	MAGE1 (a)	
ETDRISHTY	MAGE1 (a)	
EADPTSHTY	MAGE1 (a)	
ETVPTSHTY	MAGE1 (a)	

【0089】

【表7】

表3 (つづき)

配列	抗原	分子
ETDPTISHY	MAGE1 コンセンサス	
ETDPTGHSY	MAGE1 T(a)	
MFPDLESEF	MAGE2	
TTINYTLNR	MAGE2	
VIFSKASEY	MAGE2	
LVHPLLKY	MAGE2	
LVHPLLKY	MAGE2	
LVHPLLKYR	MAGE2	
FVIFSKASEY	MAGE2	
STTINYTLNR	MAGE2	
VVEVVPISH	MAGE2	
EVLQLVFGI	MAGE2	
IFSKASEYL	MAGE2	
SFSTINYTL	MAGE2	
LYILVTCGL	MAGE2	
FATCLGLSY	MAGE3	
VVGWQYFFPVIFSK	MAGE3	
LTIVLAIAR	MAGE3	
YFFPVIFSK	MAGE3	
NWQYFFPVI	MAGE3	
NWQYFFPVIF	MAGE3	
IFSKASSL	MAGE3	
EVDPTSNY	MAGE41	
RYPLTFWCY	nef/182	
RYPLTFGNC	nef/182	
ATQIPSYK	PAP	
LTLYFEX	PAP	
HSFPHPLY	PSA	
TQEPALGTCY	PSA	
VTKFMLCAGRWTGGK	PSA	
HVISNDVCAQVHPCK	PSA	

【0090】

【表8】

表 3 (つづき)

配列	抗原	分子
LYDMSLLKNRF	PSA	
ETDPTIGHSY	MAGE-3のT2アナログ	

【0091】

【表9】

45

記列	AA	ウィルス	株	分子	位置	モザーク	A1	A2.1	A2.2	A1.1	A2.4
10043	HUMERILITY	9	<ERR0	43	1	9.1			503	00002	
10044	CLUMPT	9	<ERR0	66	1	7.6			0100	0	
10045	CLUMPT	9	<ERR0	104	1	0.16			0	0.024	
10046	CLUMPT	9	<ERR0	113	1	0.13			0	0.083	
10047	CLUMPT	9	<ERR0	401	1	0.083			<0.0002	<0.0002	
10048	CLUMPT	9	<ERR0	795	1	0.0024			0.011	0.0039	
10049	CLUMPT	9	<ERR0	899	1	2.7			0.0003	0.0095	
10050	CLUMPT	9	<ERR0	948	1	1.3			0.0017	0	
10051	CLUMPT	9	<ERR0	952	1	1.1		0	0.010	0.01	0
10052	CLUMPT	9	<ERR0	1318	1	0.063			<0.0002	0.002	
10053	CLUMPT	9	<ERR0	156	1	<0.0015			0.025	0.0050	
10054	CLUMPT	9	<ERR0	154	1	0.001			0.0012	<0.0002	
10055	CLUMPT	9	<ERR0	55	1	0.018			0.0014	0.01	
10056	CLUMPT	9	<ERR0	1094	1	0.012			<0.0002	<0.0002	
10057	CLUMPT	9	<ERR0	681	3.11	0.017			0.9	0.0018	
10058	CLUMPT	9	<ERR0	669	3.11				0.11	0.75	
10059	CLUMPT	9	<ERR0	852	3.11				0.05	0.05	
10060	CLUMPT	9	<ERR0	954	3.11				0.11	0.75	
10061	CLUMPT	9	<ERR0	1023	3.11				0.11	0.75	
10062	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10063	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10064	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10065	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10066	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10067	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10068	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10069	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10070	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10071	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10072	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10073	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10074	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10075	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10076	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10077	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10078	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10079	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10080	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10081	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10082	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10083	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10084	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10085	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10086	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10087	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10088	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10089	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10090	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10091	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10092	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10093	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10094	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10095	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10096	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10097	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10098	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10099	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10100	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10101	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10102	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10103	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10104	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10105	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10106	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10107	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10108	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10109	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10110	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10111	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10112	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10113	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10114	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10115	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10116	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10117	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10118	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10119	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10120	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10121	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10122	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10123	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10124	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10125	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10126	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10127	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10128	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10129	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10130	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10131	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10132	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10133	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10134	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10135	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10136	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10137	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10138	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10139	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10140	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10141	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10142	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10143	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10144	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10145	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10146	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10147	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10148	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10149	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10150	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10151	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10152	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10153	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10154	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10155	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10156	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10157	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10158	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10159	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10160	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10161	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10162	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10163	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10164	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10165	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10166	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10167	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10168	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10169	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10170	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10171	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10172	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10173	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10174	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10175	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10176	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10177	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10178	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10179	CLUMPT	9	<ERR0	1027	3.11				0.11	0.75	
10180	CLUMPT	9	<ERR0	1027							

【0 0 9 2】

【表 10】

表4 (つづき)

ペプチド	配列	AA	ウィルス	株	分子	位置	セチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
1.073	RLKTELAK	10	c-EB2			713	3.11			0.057	0.11	
1.074	VLKSNIVK	10	c-EB2			851	3.11			0.067	0.072	
1.1131	SVFQNLQVIR	10	c-EB2			423	3.11			0.017	0.07	
1.1133	ITVPNDQLR	10	c-EB2			478	3.11			0.005	0.077	
1.1122	ILKGGVLIQK	10	c-EB2			144	3.11			0.040	0.005	
1.1143	LVSESRMAR	10	c-EB2			972	3.11			0.072	0.03	
1.1136	GVVPELIRK	10	c-EB2			648	3.11			0.018	0.03	
1.076	CYAKCPGVK	10	c-EB2			96	3.11			0.022	0.042	
1.1137	VYFGLIKRR	10	c-EB2			649	3.11			0.030	0.016	
1.078	GLIKRRQKK	10	c-EB2			672	3.11			0.015	0.014	
1.1129	RTVAGGICAR	10	c-EB2			217	3.11			0.066	0.013	
1.1134	GLACHICAR	10	c-EB2			580	3.11			0.011	0	
1.1139	KIPVAKYLE	10	c-EB2			747	3.11			0.009	0.009	

【0093】

【表11】

表 4 (つづき)

ペプチド	配列	AA	ウィルス	株	分子	位置	モザイク	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
1.091	VCEADYFEY	9	EBNA1	---	---	409	1	0.016	---	---	---	---
1.095	ILRESIVCY	9	EBNA1	---	---	505	1	0.010	---	---	---	---
1.091	IVCEADYFEY	10	EBNA1	---	---	408	1	0.015	---	---	---	---
1.093	GTWVAGVYV	10	EBNA1	---	---	501	1	0.014	---	---	---	---
1.093	CVETVCGSK	9	EBNA1	---	---	508	3.11	---	---	0.90	0.61	---
1.1016	KELVNLRR	9	EBNA1	---	---	514	3.11	---	---	0.31	0.12	---
1.097	AKDLVMTK	9	EBNA1	---	---	578	3.11	---	---	0.048	0.034	---
1.097	QTHFAEVLK	10	EBNA1	---	---	502	3.11	---	---	0.010	0.21	---
1.1124	GTALAIPQCR	10	EBNA1	---	---	523	3.11	---	---	0.0208	0.056	---

【0094】

【表12】

表 4 (つづき)

ペプチド	配列	AA	ウイルス	株	分子	位置	モチーフ	A1	A21	A32	A11	A24
5005	CTELKSDY	9	FLU	A	NP	44	1	3.6				
5006	STLEBRY	9	FLU	A	NP	377	1	0.007				
5004	LILRSVAHK	9	FLU	A	NP	285	3			1.5	0.007	
5001	RNCNLKCK	9	FLU	A	NP	221	3			0.27	0.062	
5006	LMQGSTLPR	9	FLU	A	NP	166	3			0.01	0.10	
5004	MIDGIGREY	9	FLU	A	NP	32	3			0.09	0.0010	
5004	MVLSAFDER	9	FLU	A	NP	46	3			0.0016	0.041	
5004	YQNMTELK	9	FLU	A	NP	40	3			0.001	0.030	
5002	GINDRNPWR	9	FLU	A	NP	200	3			0.0008	0.074	
5004	SLMQGSTLPR	10	FLU	A	NP	165	3			0.12	0.84	
5005	KMIDGIGREY	10	FLU	A	NP	31	3			0.50	0.0079	
5006	LILRSVAHK	10	FLU	A	NP	264	3			0.36	0.037	
5002	ESCAACAAYK	10	FLU	A	NP	175	3			0.019	0.0046	
5005	STLEBRY	10	FLU	A	NP	276	3			0.0018	0.016	
5003	RSYTWAIKTR	10	FLU	A	NP	302	3			0.012	0	
5001	RNVLSAPDER	10	FLU	A	NP	65	3			0.0014	0.010	
5001	PTQMCTEL	9	FLU	A	NP	39	24					2.9
5006	AYERMCHIL	9	FLU	A	NP	218	24					0.01
50112	REYQMCTEL	10	FLU	A	NP	38	24					0.15

【0095】

【表13】

表4(つづき)

ベンチ	配列	AA	ウイルス	注	分ナ	逆置ヒテフ	A1	A2.1	A2.2	A2.3	A2.4
1005	LUOTASALY	9	HBV	ad	CORE	428	25		0.007	0	A14
1006	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	100	1.1		0.006	0.006	
1007	LUOTASALY	9	HBV	ad	ALL	151	1.1		0.008	0	
1008	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	3.0		0.008	0	
1009	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.7		0	0	
1010	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.7		0.003	0.005	
1011	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6		0.30	0.014	
1012	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1013	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1014	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1015	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1016	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1017	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1018	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1019	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1020	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1021	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1022	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1023	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1024	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1025	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1026	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1027	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1028	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1029	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1030	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1031	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1032	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1033	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1034	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1035	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1036	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1037	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1038	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1039	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1040	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1041	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1042	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1043	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1044	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1045	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1046	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1047	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1048	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1049	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1050	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1051	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1052	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1053	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1054	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1055	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1056	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1057	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1058	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1059	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1060	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1061	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1062	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1063	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1064	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1065	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1066	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1067	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1068	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1069	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1070	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1071	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1072	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1073	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1074	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1075	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1076	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1077	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1078	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1079	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1080	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1081	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1082	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1083	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1084	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1085	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1086	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1087	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1088	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1089	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1090	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1091	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1092	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1093	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1094	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1095	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1096	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1097	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1098	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1099	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				
1100	LUOTASALY	9	HBV	ad	POL	151	0.6				

【0096】

【表14】

表 4 (つづき)

ペプチド	配列	AA	ウイルス	性	分子	伝播モード	A1	A2.1	A3.7	A11	A14
2.016	KNQVHLESLY	10	HBV	adw		1141	1	0.016			
2.010	PLYSQILSLY	10	HBV	adw	POL	1059	3	0.015			
2.009	LYNCHIGAK	9	HBV	ayw	POL	1041	3		0.9	0.14	
2.014	IMPATRYCK	9	HBV	ayw	POL	713	3		0.9	1.5	
2.002	CLINGSPVHK	9	HBV	ayw	POL	967	3		0.14	0.075	
2.064	SAKCSVPRK	9	HBV	ayw	POL	531	3		<0.000	0.67	
2.077	ILIQDHIQIK	9	HBV	ayw	POL	666	3		0.041	0.0075	
2.019	SLPQEHQIK	10	HBV	ayw	POL	1197	3		0.36	4.2	
2.024	SMPSCCCK	10	HBV	adw/adw		295	3		0.63	1.9	
2.035	SMTSCCCK	10	HBV	ayw		795	3		1.1	1.79	
2.007	QATTSPTXK	9	HBV	ayw	POL	963	3		0.09	0.021	
2.014	ILIQDIPQK	10	HBV	ayw	POL	1081	3		0.09	0.021	
2.008	SLPQEHQIK	10	HBV	ALL		1197	3		0.006	0.003	
2.004	TSKCSVPRK	10	HBV	ayw	POL	530	3		0.006	0.003	
2.004	PTDLEAKK	9	HBV	ayw	POL	1340	11		0.003	0.016	
2.004	PTDLEAVK	9	HBV	adw	"X"	1552	11				3.6
2.001	KYSPVILL	9	HBV	ALL		1330	24				2.2
2.009	LYAAVTHL	9	HBV	adw		1,169	24				2.1
2.004	PYNALTKL	9	HBV	adw		609	24				1.9
2.005	LYSTVTPK	9	HBV	adw/ayw		665	24				1.7
2.004	PYKVTXKL	9	HBV	ayw		718	24				1.6
2.009	PYKVTXKL	9	HBV	adw		718	24				0.97
2.004	LYSTVTPK	9	HBV	ayw		665	24				0.97
2.004	LYSTVTPK	9	HBV	adw		665	24				0.34
2.004	LYHLSQPL	9	HBV	adw		544	24				0.18
2.005	NYKSWPRK	9	HBV	ayw		991	24				0.15
2.000	HYSTHIVL	9	HBV	adw/ayw		713	24				0.07
2.007	HYKTHIVL	9	HBV	adw		714	24				0.067
2.000	ATYALMPL	9	HBV	ALL		1,224	24				0.06
2.002	ATYALMPL	9	HBV			131	24				0.04
2.004	LYKTHIRKL	9	HBV	ayw	NUCNUCUCU	1,085	24				0.011
2.003	LYKTHIRKL	9	HBV	ayw		1,085	24				0.011
2.003	LYKTHIRKL	10	HBV	ALL		1,077	24				0.32
2.002	LYAAVTHL	10	HBV	ayw		1,169	24				0.35
2.004	LYKTHIRKL	10	HBV	adw		1,271	24				0.16
2.014	SYQHIRKLL	10	HBV	ayw		407	24				0.04
2.017	SYQHIRKLL	10	HBV	adw/adw		578	24				0.04

【0097】

【表15】

表 4 (つづき)

ペプチド	ファミリー	システマ	種別	AA	ウィルス	注	分子	位置	エプソ	A1	A2.1	A3.2	A3.1	A2.2	A2.3
11043	MLVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1094	311	1094	311			0.66	0.002		A24
10170	YVIRERKL	9	HBV	adw	POL	674	311	674	311			0.04	0.001		
11045	MLVIRYTR	9	HBV	adw	POL	136	311	136	311			0.04	0.001		
11044	LPVIRYTR	9	HBV	adw	POL	167	311	167	311			0.01	0		
11041	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	569	311	569	311			0.003	0.002		
11042	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1092	311	1092	311			0.004	0.01		
11040	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.003	0.01		
11039	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11038	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11037	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11036	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11035	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11034	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11033	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11032	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11031	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11030	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11029	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11028	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11027	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11026	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11025	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11024	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11023	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11022	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11021	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11020	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11019	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11018	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11017	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11016	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11015	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11014	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11013	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11012	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11011	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11010	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11009	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11008	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11007	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11006	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11005	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11004	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11003	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11002	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11001	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
11000	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10999	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10998	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10997	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10996	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10995	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10994	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10993	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10992	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10991	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10990	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10989	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10988	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10987	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10986	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10985	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10984	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10983	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10982	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10981	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10980	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10979	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10978	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10977	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10976	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10975	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10974	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10973	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10972	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10971	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10970	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10969	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10968	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10967	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10966	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10965	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10964	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10963	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10962	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10961	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10960	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10959	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10958	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10957	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10956	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10955	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10954	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10953	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10952	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10951	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10950	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10949	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10948	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10947	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10946	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10945	YVIRYTR	9	HBV	adw	POL	1424	311	1424	311			0.007	0.010		
10944	YVIRYTR	9	HBV	adw											

【 0 0 9 9 】

【表 17】

表4 (つづき)

ペプチド	配列	AA	ウイルス	株	分子	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
2.007	PVCPITYNEK	10	HBV	ppw	PVL	698	3.11			0.0057	0.015	
1.035	TYCPITYNEK	10	HBV	adl	PVL	645	3.11			0.0068	0.014	
1.1075	RLADEGLNRR	10	HBV	adr	PVL	401	3.11			0.013	0.0004	
1.1086	IVLKLQCFR	10	HBV	adr	PVL	1185	3.11			0.013	0.0024	
1.0773	PIPSWAFAK	10	HBV	adw	ENV	314	3.11			<0.0003	0.010	
1.0778	LTYNENRLK	10	HBV	adw	PVL	702	3.11			0.0025	0.0095	

【0100】

【表18】

表4(つぎ)

ペプチド	配列	AA	ワイルス	株	分子	塩基 モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
1.0118	CTCCSSALY	9	HCV	---	LOHF	1123	3.0	---	0	0.010	---
1.0112	NHIDWQALY	9	HCV	---	NSI/ENV2	497	0.40	---	0	0.010	---
2.0034	VQDKNSHY	9	HCV	---	---	201	0.54	---	0.0005	0.0003	---
2.0035	LTRCNADY	9	HCV	---	---	465	0.076	---	---	---	---
1.0145	RVCENMALY	9	HCV	---	LOHF	2584	0.033	---	---	---	---
1.0140	DVWCSSMSY	9	HCV	---	LOHF	2416	0.039	---	---	---	---
2.0036	FTRIRMSY	9	HCV	---	---	634	0.012	---	---	---	---
1.0099	GLAPSLMSY	10	HCV	---	LOHF	2864	0.41	0.0002	0.013	0.0034	0.0002
2.0097	TLICITPLLY	10	HCV	---	LOHF	1617	0.30	---	0.11	0.0024	1.4
2.0097	EYLLLELL	9	HCV	---	---	719	2.4	---	---	---	0.06
2.0169	MYGCVSHRL	9	HCV	---	---	633	2.4	---	---	---	0.06
2.0170	BYVLLLELL	10	HCV	---	---	719	2.4	---	---	---	0.06
1.0139	SYFABLELK	9	HCV	---	LOHF	2369	3.11	---	0.016	0.07	---
1.0955	QIFPSRRK	9	HCV	---	ENV1	290	3.11	---	0.75	0.003	---
1.0950	RLGWATRRK	9	HCV	---	CORE	43	3.11	---	0.74	0.016	---
1.0123	RLPCHSRKK	9	HCV	---	LOHF	1393	3.11	---	0.54	0.016	---
1.0122	RLPCHSRKK	9	HCV	---	LOHF	1390	3.11	---	0.25	0.016	---
1.0124	RLPCHSRKK	9	HCV	---	LOHF	1391	3.11	---	0.25	0.016	---
1.0120	AVTCHSRKK	9	HCV	---	LOHF	143	3.11	---	0.016	0.004	---
1.0143	AVTCHSRKK	9	HCV	---	LOHF	1403	3.11	---	0.0019	0.0033	---
1.0137	TVVSHSRKK	9	HCV	---	LOHF	2241	3.11	---	0.015	0.0079	---
1.0957	CHSLTKR	9	HCV	---	LOHF	1042	3.11	---	0.0005	0.011	---
1.0496	GVAGALVFK	10	HCV	---	LOHF	1856	3.11	---	0.07	1.1	---
1.0490	RLIATGCGCK	10	HCV	---	LOHF	1227	3.11	---	0.59	0.0061	---
1.0482	RLMYGCVGLR	10	HCV	---	NSI/ENV2	621	3.11	---	0.27	0.012	---
1.0485	RLPCHSRKK	10	HCV	---	LOHF	1390	3.11	---	0.27	0.016	---
1.0484	TLGCHSRKK	10	HCV	---	LOHF	1261	3.11	---	0.17	0.13	---
1.0487	CWCTLLPFR	10	HCV	---	LOHF	3002	3.11	---	0.0049	0.002	---
1.0482	LLIALLADAR	10	HCV	---	NSI/ENV2	721	3.11	---	0.015	0	---

【01011】

【表19】

表4 (つづき)

ベクトル	配列	AA	ワイルス	株	分子	包膜	Eチープ	A1	A2.1	A2.2	A11	A14
1001	RDYVRFYK	9	HW		CAC	289	3.11			0.007	0.040	
1003	GIQAGTRK	9	HW		POL	1189	3.11			<0.005	0.040	
1004	VLILGDIK	9	HW		POL	1254	3.11			0.06	0.03	
1006	LVDFRLNK	9	HW		POL	769	3.11			0.011	0.030	
1008	KVVRRAK	9	HW		POL	1513	3.11			0.079	0.039	
1012	MTKLEPR	9	HW		POL	859	3.11			<0.008	0.015	
1013	TVYGVPPK	10	HW		DNV	2185	3.11			3.8	7.8	
1018	TVQVLPK	10	HW		POL	935	3.11			0.16	5.6	
1017	AVHRRERK	10	HW		POL	104	3.11			0.66	0.05	
1017	KVILGDIK	10	HW		POL	1253	3.11			0.36	0.79	
1008	LVDFRLNK	10	HW		POL	768	3.11			0.11	0.090	
1003	KLVDGQPK	10	HW		POL	768	3.11			0.39	0.06	
1003	KLVDGQPK	10	HW		GAG	440	3.11			0.37	0.04	
1003	FLGHWPSK	10	HW		POL	1074	3.11			0.02	0.11	
1003	FLGHWPSK	10	HW		POL	768	3.11			0.011	0.17	
1018	GLVLYGDK	10	HW		POL	117	3.11			0.056	0.06	
1018	GLVLYGDK	10	HW		POL	411	3.11			0.079	0.05	
1018	MTKLEPRK	10	HW		POL	859	3.11			<0.005	0.01	
1013	VYQVNSDK	10	HW		POL	1504	3.11			0.057	0.013	
1004	FLGHWPSK	10	HW		GAG	440	3.11			0.054	0.019	
1107	DQQQNLLK	10	HW		DNV	2211	3.11			<0.002	0.015	
1017	FTFDKHK	10	HW		POL	599	3.11			0.002	0.01	
1005	LVECTEMK	10	HW		POL	779	3.11			<0.002	0.01	
1007	LVQVNPCK	10	HW		GAG	337	3.11			<0.002	0.01	

【0103】

【表21】

表 4 (つづき)

ペプチド	配列	AA	ウィルス	注	分子	位置	モース	A1	A2.1	A3.2	A3.8	A3.9	A3.10	A3.11	A3.12	A3.13	A3.14	A3.15	A3.16	A3.17	A3.18	A3.19	A3.20	A3.21	A3.22	A3.23	A3.24
10225	SEATWHTCY	9	HPV	16	E6	86	1	7.8		0.011	0.038																A3.4
10226	QKQPDVHTY	9	HPV	16	E7	41	1	0.01		-0.000	-0.002																
10410	LQKHTVCTV	10	HPV	16	E6	71	1	0.25		-0.006	0.017																
10118	YKSEYSEHTY	10	HPV	16	E6	77	1	0.17		-0.009	0																
20412	YKSDYSEHTY	10	HPV	16	E6	77	1	0.11		-0.009	0																
20412	HCYDHTLHTY	10	HPV	16	E7	7	3	0.007		-0.002	-0.002																
10999	YKSDYSEHTY	10	HPV	16	E7	7	3	0.003		-0.002	-0.002																
10813	HCYDHTLHTY	10	HPV	16	E7	7	3	0.003		-0.002	-0.002																
10813	HCYDHTLHTY	10	HPV	16	E6	44	1	0.021		0.003	0.011																
10994	AVYDSEHTCY	10	HPV	16	E6	71	1	0.011		-0.002	-0.002																
20149	YKSEHTLHTY	10	HPV	16	E6	71	1	0.011		-0.002	-0.002																
20149	YKSEHTLHTY	10	HPV	16	E6	71	1	0.011		-0.002	-0.002																
20144	LYRUCLEHTY	10	HPV	16	E6	101	3			0.081	0.079																
20212	HTYDCEHTY	10	HPV	16	E7	58	11			0.002	0.079																
20212	HTYDCEHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				
20212	YKCYHTLHTY	9	HPV	16	E6	33	24																				

【 0 1 0 4 】

【表 2 2】

表4 (つづき)

ペプチド	配列	AA	ウイルス	株	分子	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
1.0281	CSQCTTHLY	9	p53	226	1	29.5	0.0010	0.029
1.0662	GTAASVTCTY	10	p53	117	1	0.33	0	0.023	0.049	0
1.0627	RVEGNIRVEY	10	p53	196	1	0.022	0.0014	0.020
1.0278	RVSAMADPK	9	p53	156	3.11	1.5	0.73
1.0276	CTTSPALNK	9	p53	324	3.11	0.46	1.1
1.0285	NTSSGPQPK	9	p53	311	3.11	0.0009	0.095
1.0284	RTEENLRK	9	p53	283	3.11	0.0015	0.091
1.0287	ELNEALELK	9	p53	343	3.11	0.020	0.0652
1.0628	RTEENLRKK	10	p53	283	3.11	3.3	0.0060
1.1113	KTYQCSYGR	10	p53	101	3.11	2.6	0.68
1.1115	VWRCPHHER	10	p53	172	3.11	0.099	0.017
1.0627	NTSSGPQPK	10	p53	311	3.11	0.0035	0.064
1.1121	RVCACYGRK	10	p53	273	3.11	0.014	0.011
1.1116	GLAPQHLIR	10	p53	187	3.11	0.013	0.006

【0106】

【表24】

表4 (つづき)

ペプチド	配列	AA	ウイルス	株	分子	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
3.0175	KGEYVENY	9	PAP			372	1	3.4		<0.002	0.002	0
3.0174	LCGYRKRY	9	PAP			31	1	0.76		<0.002	0.002	0
3.0166	ASCHITELY	9	PAP			311	1	0.77	<0.002	<0.002	0.055	0
3.0163	ESYKIEQYV	9	PAP			95	1	0.098		<0.002	0.002	0
3.0227	LSLSLSLS	10	PAP			238	1	14		0.026	0.004	0
3.0235	LSLSLSLS	10	PAP			238	1	12		0.005	0.004	0
3.0234	LTQLGMEQHY	10	PAP			70	1	0.62	0.005	0.015	0.024	0.022
3.0238	KGEYVENY	10	PAP			322	1	0.018		0.057	0.09	
3.0230	LYNEILNRMK	10	PAP			263	3			0.66	0.12	
3.0158	ATQIPSTK	9	PAP			274	11			0.10	1.2	
3.0231	ETLKSERQK	10	PAP			170	11			<0.004	0.014	
3.0161	LYFEKGEYF	9	PAP			318	24					2.5
3.0160	LYCESVNEF	9	PAP			213	24					0.44
3.0159	PKDFRIAL	9	PAP			183	24					0.11
3.0162	VNGLIPPY	9	PAP			302	24					0.02
3.0232	PTASCHITEL	10	PAP			309	24					0.024

【0107】

【表25】

表 5

配列	サイズ	塩基	分子	位置	モチーフ	A01 結合	A03 結合	A11 結合	A24 結合
EDTPTGHL	9	MAGE3a	3	アタログ	161	A01 12,5000			
AVDPFGHL	9	MAGE3a	3	アタログ	161	A01 8,0000			
EVDPFHL	9	MAGE3a	3	アタログ	161	A01 5,5000			
ESPRDHL	10	HER-2/neu			1213	A01 5,5000	0.0005	0.0010	
EVDAIGHL	9	MAGE3a	3	アタログ	161	A01 5,3500			
EVDPFHL	9	MAGE3a	3	アタログ	161	A01 5,0000			
EVDPFGHL	9	MAGE3a	3	アタログ	161	A01 4,6500			
EVDPFGHL	9	MAGE3a	3	アタログ	161	A01 3,4500			
EVDPFGHL	9	MAGE3a	3	アタログ	161	A01 2,9500			
EVDPFGHL	9	MAGE3a	3	アタログ	161	A01 2,667			
EVDPFGHL	9	MAGE3a	3	アタログ	161	A01 2,4000			
EVDPASNT	9	MAGE	4		161	A01 1,5000			
PLSDQGL	9	PAP			147	A01 1,2000	0.0005	0.0001	
LSNFSLS	9	HCV			2889	A01 0,8100	0.0002	0.0002	
IPSYKLIM	10	PAP			277	A01 0,5650			
KACHLTELY	10	PAP			310	A01 0,5467	0.0003	0.0002	
EVDPFGHL	9	MAGE3a	3	アタログ	161	A01 0,3300			
CHQINCHSY	10	HER-2/neu			826	A01 0,2967	0.0003	0.0001	
VGSQCTTH	10	p53			275	A01 0,2600	0.0003	0.0003	
EVAPFGHL	9	MAGE3a	3	アタログ	161	A01 0,1800			

【0109】

【表27】

表5 (つづき)

配列	サイズ	抗原	株	分子	位置	モチーフ	A01 結合	A03 結合	A11 結合	A24 結合
P5HNPESY	10	HER-2/neu			280	A01	0.1800	0.0003	0.0003	
ASCVIACP	9	HER-2/neu			293	A01	0.0552	0.0003	0.0074	
TSFAPDLY	9	HER-2/neu			1213	A01	0.0425	0.0002	0.0002	
ASPLDSTY	9	HER-2/neu			997	A01	0.0290	0.0002	0.0004	
RETQLFEND	10	HER-2/neu			103	A01	0.0205	0.0003	0.0015	
PASPLDSTY	10	HER-2/neu			996	A01	0.0148	0.0003	0.0001	
FSQRTQSSY	10	p53			98	A01	0.0140	0.0002	0.0003	
KSTKVPAAY	9	HCV			1236	A01	0.0134	0.0009	0.0001	
DSSYLCEY	9	HCV			1513	A01	0.0110	0.0002	0.0003	
KISEYRHCY	10	HPV	16	26	79	A01	0.0050	0.0043	0.0018	
NLYVSLMLY	10	HBV	adw	POL	1088	A01	0.0050			
GTVRANAIY	10	p53			154	A01/03	0.0027	0.0365	0.0002	
LTGCFADLNGY	11	HCV			126	A01/11	2.4500	0.0003	0.0120	0.0001
VHAGVGSFY	9	HER-2/neu			773	A01/A03	0.0400	0.0515	0.0079	
TLNKAQILY	9	HBV	adw	POL	100	A03	0.0017	0.2657	0.0016	
KLNMSQIY	9	HIV		POL	958	A03	0.0070	0.1160	0.0006	
LVGFLLAY	9	MAGE1	1		109	A03	0.0033	0.0563	0.0012	
TLRTGSPVY	9	HBV	adw	POL	80	A03	0.0017	0.0440	0.0002	
AVLDGLPEZY	10	HER-2/neu			545	A03	0.0015	0.0350	0.0050	

【0110】

【表28】

表5 (つづき)

配列	サイズ	抗原	株	分子	頻度	位置	モチーフ	A01 結合	A03 結合	A11 結合	A24 結合
QLVTQLHPY	9	HER-2/neu				795	A03	0.0024	0.0112	0.0039	
GLKIKVHPY	9	HIV		GAG		274	A03	0.0017	0.0103	0.0002	
LLGDHQPWPR	10	MAGE2	2			182	A03		0.0093	0.0014	
QVDDQAEHLK	10	HIV		POL		1419	A03		0.0089	0.0091	
LVKAGIRK	8	HIV	con			1246	A03		0.0091	0.0054	
VTDGRGROK	8	HIV	con			1153	A03		0.0090	0.0065	
TVFDKALIGR	11	HLA-A*68 内因性ペプチド配列					A03/I1		0.1050	1.3000	
KTGGPVYR	9	HLA-A*68 内因性ペプチド配列					A03/I1		0.0340	0.8200	
SLYTKVVRV	9	PSA				237	A03/I1	0.0017	0.6750	0.0140	
AVAAVADR	9	HLA-A*68 内因性ペプチド配列					A03/I1		0.1600	0.0825	
KIQNFVRVY	9	HIV		POL		1474	A03/I1	0.0056	0.1190	0.1350	
EMLESVTKRKY	11	MAGE1				127	A03/I1		0.0087	0.0099	
EVAPPEVHRK	10	HLA-A*68 内因性ペプチド配列					A11		0.0008	0.0575	
ETNPFELK	8	HIV	コンセンサス			1351	A11		0.0037	0.0425	
RHGLLALL	9	HER-2/neu				8	A24				1.2567
PTVSRLLGI	9	HER-2/neu				780	A24				0.1650
VYTHVRCW	9	HER-2/neu				951	A24				0.1640
AYSLLQGL	9	HER-2/neu				440	A24				0.1250
STGVTVNEL	9	HER-2/neu				907	A24				0.1200
LYISNPDGL	10	HER-2/neu				410	A24				0.0935
VWSTGVTVW	9	HER-2/neu				905	A24				0.0900

【0111】

【表29】

表5 (つづき)

配列	サイズ	抗原	株	分子	長さ	位置	モチーフ	A01	A03	A11	A24
SYGVTRNELM	10	HER-2/neu				907	A24				結合
QYLGLSTL	9	HCV				1777	A24				0.0630
TYLFTNASL	9	HER-2/neu				63	A24				0.0475
EYLVSFGVHL	10	HBV		NUC	90	117	A24				0.0375
KFLLCAGRM	9	PSA				190	A24				0.0335
MFNLISGLTF	9	HBV		NUC	90	102	A24				0.0305
TYSTYGKFL	9	HCV				1296	A24				0.0300
VTNHYKCMH	10	HER-2/neu				951	A24				0.0218
RFRELVSSEF	9	HER-2/neu				960	A24				0.0180
CYGLCNEHL	9	HER-2/neu				342	A24				0.0176
QYSPQRVVF	10	HCV				2614	A24				0.0175
KHMLLESIL	9	HER-2/neu				887	A24				0.0149
EYLPQGGFF	10	HER-2/neu				1022	A24				0.0120
RYSEDTVPL	10	HER-2/neu				1111	A24				0.0117
RTHQSDVM	9	HER-2/neu				690	A24				0.0107

【0112】

【表30】

表5 (つづき)

配列	AA	page 数	モデル	回路	モチーフ	A1	A2.1	A1.2	A11	A14
DWGFLLK	9	1		108	3,11			0.0040	0.0014	
QLVFGIDK	9	1		152	3,11				0.0019	0.0051
SLEQSLCK	10	1		2	3,11			0.0015	0.0015	
SEFNATK	10	1		96	3,11			1.2	0.98	
DLVGFLLK	10	1		108	1	0.0068		0.0059	0.0009	
MEGVITNK	10	1		128	3,11			0.14	0.027	
NEELSWNEY	10	1		215	1	<0.0009		<0.0002	<0.0002	
VYDREHSAY	10	1		223	1	<0.0009				
LWGFLLK	9	1		109	1	0.0013		0.056	0.0012	
LVTCLGLY	9	1		171	1	0.0084		0.0014	<0.0002	
VLVTCLGLY	10	1		170	1	0.0048	0	0.0013	0.0007	
FLILKYAR	9	1/2/3		112	3,11			0.0007	<0.0005	
PTTINFTQR	10	1		65	3,11			<0.0002	0.0033	
LWGFLLK	10	1		109	3,11			0.0034	0.0023	
EKLEYGRN	10	1		246	3,11			<0.0002	0	
ELVHFLK	9	2/3		108	3			0.0045	0.0011	
AYGPRKL	9	1		231	24				0.0007	
SYLVTCGL	10	1		168	24		0.0006			0.0051
EVVISHLY	9	2		161	1	0.0028		<0.0002	<0.0002	
EVVIGHLY	9	21		161	1	0.0002				
EVDPASNTY	9	4		161	1	0.0005				
EAUPTSNTY	9	5/51		161	1			0.0004	0.0006	0

【01113】

【表31】

表5 (つづき)

配列	AA	Mase 係	モル	位置	エナジー	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
EVDFPCHVY	9	6		161	1	1.9		<0.0002	<0.0002	0
EMLESVTK	8	1		127	3			<0.0003	0	
LVFGIDVR	8	1		153	3			0.0035	0.0037	
GVQGPSLK	8	1		266	3			<0.0003	0.0063	
VHEVDGR	8	1		270	3			<0.0003	0.0007	
VOEKVLEY	8	1		244	1	0.0018				
ATGPPRKL	8	1		231	24					0.0017
VXEDPFGHSY	11	1		159	1	<0.0003				
IWEELSVHEVY	11	1		214	1	<0.0003				
EMLESVINTK	11	1		127	3		0.0087	0.0099		
EADPTSHY	9	アナログ		161	1	0.68				
EVDPISRTY	9	アナログ		161	1	1.8				
EMLEAQQA	9	1		14	2.1		0	<0.0002	0	
MSLEQSLH	9	1		1	3			0.0025	0.0003	
OSQCCASAF	9	1		56	3			0.0004	0	
SAPPTINF	9	1		62	3			<0.0003	0	0.0003
TSCILFSLF	9	1		90	3			<0.0003	0	
SCILESIFR	9	1		91	3			<0.0003	0.0026	
LFRAVITKK	9	1		97	3			0.011	0.0005	
VGFLLIKYR	9	1		110	3			0.0044	0.0051	
ESVIRVYEH	9	1		130	3			<0.0003	0	
VIKNVHCF	9	1		132	3			<0.0003	0	

【01114】

【表32】

表5 (つづき)

数列	AA	Age 序	モル	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
ASESLQVLF	9	1, 2		147	3			<0.0003	0	
LDNDQINPK	9	1		183	3			0.0007	0.0048	
VMIAMEGCH	9	1		200	3			<0.0003	0	
YGREHSGAY	9	1		224	3			<0.0003	0	
LTQDLVQEK	9	1		239	3			<0.0003	0.14	
CGVQGPGLK	9	1		265	3			<0.0003	0.0037	
EMLESVIENY	10	1		127	1	0.0006		<0.0002	<0.0002	0
KEADPTGHSY	10	1		160	1	<0.0005		<0.0002	<0.0002	
ASNPFTINF	10	1		61	3			<0.0003	<0.0002	
AFPTTINFTR	10	1		63	3			<0.0003	0.0003	
PTTINFTR	10	1		65	3			<0.0003	0.0002	
STSCILESIF	10	1		89	3			<0.0003	<0.0002	
GFLLRKYDAR	10	1		111	3			0.0019	0.0008	
KAEHESVIR	10	1		125	3			<0.0003	0.0097	
SVIKNYKHCF	10	1		131	3			<0.0003	<0.0002	
KASESLQVLF	10	1		146	3			<0.0003	<0.0002	0.0012
DVKEADPTGH	10	1		158	3			<0.0003	<0.0002	
LVMIAMEGCH	10	1		199	3			0.0008	0.0005	
LSVNEVTDGR	10	1		218	3			<0.0003	0.012	
VNEVTDGRH	10	1		220	3			<0.0003	0.0002	0
YGRERTVIFH	10	1		251	3			<0.0003	<0.0002	
SCGVQGPGLK	10	1		264	3			0.0005	0.0089	

【0115】

【表33】

表5 (つづき)

記号	AA	Age 後	モル	位置	平ターフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
VPOSDPARY	9	1	新	254	1	0.0038				
QVPDSDPAR	9	1	新	254	3			<0.0003	0.0002	
VYKVSARVR	9	1	新	264	3			0.0016	0	
PSLREAAIR	9	1	新	296	3			<0.0003	0	
EFLWGPBAL	9	1	新	264	24					0.0006
ETSYVNVLEY	10	1	新	274	1	0.56				
LVQERYLEYR	10	1	新	243	3			0.0008	0.0043	
QVPDSDPARY	10	1	新	254	3			0.0014	0.0003	
YKVKLEYIK	10	1	新	277	3			0.0029	0.0015	
YVYKVSARVR	10	1	新	283	3			0.019	0.0009	
SYVKVLETVI	10	1	新	270	11			0.18	0.24	
RALAEISYVK	10	1	新	276	24					0.036
FFPSLREBAL	10	1	新	294	24					0.0044
SVIKNYK	7	1	POL	131	3,11			0.0006	0.0028	
PYTKAELESYIK	13	1	E6	122	3,11			<0.0003	0	
ETSYVNVLEYIK	13	1	E6	273	3,11			0.0044	0.0003	
ITKKVADLVGILLK	15	1	POL	102	3,11			0.40	1.0	
VYTKAELESYIK	15	1	POL	123	3,11			0.024	0.053	
VUCNMQFFPWFISK	15	3	POL	79	3,11			1.6	0.34	
PNALAEISY	9	3	新	268	1	<0.0018		<0.0003	<0.0002	
FATCLGLSY	9	3		171	1	0.038		<0.0003	0.0004	
LEQNSLICK	9	1	新	3	3			<0.0002	0	

【0116】

【表34】

表 5 (つづき)

配列	BA	Major 値	モデル	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A74
AHLSRVK	9	1	新	126	3			<0.0002	0.0011	
LESVIRTK	9	1	新	129	3			<0.0002	0.0018	
EELSVEVY	9	1	新	216	3			<0.0002	0	
HEVYDGRH	9	1	新	221	3			<0.0002	0	
DDPMAYEF	9	1	新	256	3			<0.0002	0	
KYSARVRF	9	1	新	265	3			0.0005	0	
VSAVRVRF	9	1	新	266	3			0.0003	0.0026	
HSPQASSE	9	2		56	3			<0.0002	0	
TTINYTLWR	9	2		66	3			0.049	1.1	
QEEGGRHF	9	2		83	3			<0.0002	0	
HFDLESSE	9	2		90	3			<0.0002	0	0.014
SEFOAISR	9	2		96	3			<0.0002	0.0001	
EFQAISSK	9	2		97	3			<0.0002	0.0002	
LVHLLKY	9	2,3		109	3			0.043	0.010	
AHLSVLR	9	2		126	3			<0.0002	0	
SVLRQCDF	9	2		131	3			0	0	
VLRQCDF	9	2		132	3			<0.0002	0	
DFPVIJSK	9	2		138	3			<0.0002	0.0022	
VIFSASEY	9	2		142	3			0.081	0.033	
VVEVFEISH	9	2		159	3			0.0007	0.010	
LCDQVQPK	9	2		183	3			<0.0002	0.0061	
EGDCAPEK	9	2,3		205	3			<0.0002	0	

【0117】

【表35】

表5 (つづき)

配列	AA	Base 様	モデル	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	N24
QEEGDSIF	9	3		83	3			<0.0002	0	
TFPDLSEF	9	3		90	3			<0.0002	0	0.0049
SEFQALSR	9	3		96	3			<0.0002	0	
EFQALSRK	9	3		97	3			<0.0002	0.0001	
SVGNRMQYF	9	3		131	3			<0.0002	0	
VGNRMQYFF	9	3		132	3			0.0022	0.0021	
YFPVIESK	9	3		138	3			0.0020	0.027	
ASSSLQLVF	9	3		147	3			0.0011	0.0089	
LMVDPIGH	9	3		159	3			<0.0002	0	
IIIVAIAR	9	3		196	3			0.0069	0.0011	
VQRYLEYR	9	1		244	11			<0.0002	0	
SNQEEGPR	9	2		81	11			<0.0002	0	
NYKHCPEI	9	1	断	135	24			<0.0002	0	
IFGKASESL	9	1	断	143	24					4.8
GFLIVLWN	9	1	断	193	24					0.0013
IFSKASRYL	9	2		143	24					<0.0002
EYLQLVFQI	9	2		149	24					0.023
RHQYFFPI	9	3		135	24					3.5
IFSKASSL	9	3		143	24					0.53
LGSVGNRMQY	10	3		129	1	<0.0020			0.0012	0.016
IFATCLQY	10	3		170	1	<0.0002			0.0005	0.0004
TSCILLESFR	10	1	断	90	3			<0.0002	0.015	

【0118】

【表36】

表5 (つづき)

配列	AA	Mass 値	モル	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
LEVIKNTKH	10 1	新	新	129	3			<0.0002	<0.0002	
PEHGAYGPR	10 1	新	新	227	3			<0.0002	<0.0002	
POSDPARYEF	10 1	新	新	255	3			<0.0002	<0.0002	
LEVIKVSAR	10 1	新	新	280	3			<0.0002	<0.0002	
KVGNRVRF	10 1	新	新	283	3			<0.0002	<0.0002	
KVGNRVRF	10 1	新	新	285	3			0.0013 0.0020		
STTINTLHR	10 2			65	3			0.0014 0.091		
SSHQEEGPR	10 2			80	3			<0.0002	<0.0002	
RHFPLESEF	10 2			89	3			<0.0002	<0.0002	0.0016
ESFQNAISR	10 2			95	3			<0.0002	<0.0002	
SEFQAISRK	10 2			96	3			0.0012 0.0028		
ISRNVELVH	10 2			102	3			<0.0002	<0.0002	
VELVHFLLK	10 2			107	3			0.0009 0.0003		
ELVHFLLY	10 2,3			108	3			0.0066 0.0003		
LVHFLLLYR	10 2			109	3			0.026 0.0072		
HFLLYRHR	10 2,3			111	3			0.0014 0.0002		
KAEHLESVLR	10 2			125	3			<0.0002 0.0009		
ESVLRNCQF	10 2			130	3			<0.0002	<0.0002	
SVLRHCQDF	10 2			131	3			<0.0002	<0.0002	
NCQDFFPVF	10 2			135	3			<0.0002	<0.0002	
QDFPFIISK	10 2			137	3			<0.0002 0.0083		
PVIFSKSEY	10 2			141	3			0.016 0.0033		

【0119】

【表37】

表5 (つづき)

配列	AA	Maya 倍	モル	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
KASSTLQVIF	10	2		146	3			<0.0002	<0.0002	0.0030
EVEVPPIIN	10	2		158	3			<0.0002	<0.0002	
VEVVPISHLY	10	2		160	3			<0.0002	<0.0002	
ILVTCLGLSY	10	2		170	3			0.0036	0.0002	
LLGDNQVHPK	10	2		182	3			0.0093	0.0014	
TEGDCAPEEK	10	2		204	3			<0.0002	<0.0002	
STFPDLESSEF	10	3		89	3			<0.0002	<0.0002	
ESEFQAALSR	10	3		95	3			<0.0002	<0.0002	
SEFQAALSRK	10	3		96	3			0.0010	0.0010	
LSRKVAELVN	10	3		102	3			<0.0002	<0.0002	
ARLVHFLLEK	10	3		107	3			0.0008	<0.0002	
LVHFIILLYR	10	3		109	3			0.040	0.0014	
CSVVGMNQIF	10	3		130	3			0.0020	0.0008	
SVVGMNQYTF	10	3		131	3			0.0085	0.0067	
KASSLQLVF	10	3		146	3			0.0003	0.0008	0.0021
ELMEYDFIGH	10	3		158	3			<0.0003	<0.0002	
MEYDFIGHLY	10	3		160	3			0.0004	0.0004	
VDFIGHLYTF	10	3		162	3			<0.0003	<0.0002	
LIVVIALIAR	10	3		195	3			0.028	0.0021	
RECDCAPEEK	10	3		204	3			<0.0003	<0.0002	
RQSPGSGSSR	10	1	新	74	11			0.0009	0.0009	
LQVFGICQVK	10	1	新	151	11			0.0050	0.0018	

【0120】

【表38】

表5 (つづき)

配列	AA	Mgo 位	モル	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
QQVPSDPAK	10	1	新	252	11			<0.0003	<0.0002	
MNYPLNQSQ	10	3	新	68	11			<0.0003	<0.0002	
GFLIIVLMI	10	1	新	193	24					0.0008
SESTINVEL	10	2		63	24					0.015
EFQALSNKH	10	2		97	24					<0.0002
LYLVTCIGL	10	2		168	24					0.014
NHQYFPVIF	10	3		135	24					0.017
AVDFIGHLY	9	3	アタログ	161	1	8.0				
EADFIGHLY	9	3	アタログ	161	1	3.5				
EVDASNTY	9	4		161	1	1.5				
SEDFIGHLY	9	3	アタログ	161	1	13				
EVDFIGHLY	9	3	アタログ	161	1	3.0				
ANDSPSPFH	9	2		55	A11					
VPISHLYL	9	2		170	P1					
MRKTGLLI	9	2		196	P1					
SKLEVFGR	9	2		226	A11					
DSVFAIPEK	9	2		236	A11					
VFAIPKLL	9	2		238	A24					
MDQLQENY	9	2		247	A01					
DPACTEPLM	9	2		265	P2					
FLMGPRAL	9	2		271	A02					
ALITETSVK	9	2		277	A03/A11					

【0121】

【表39】

表5 (つづき)

配列	AA	長さ	モル	位置	モチーフ	A1	A2.1	A1.2	A11	A24
TSYKVLHI	9	2		281	A11					
EPHISYPIL	9	2		296	P1					
ISYPLHER	9	2		299	A03/A11					
YPLHERAL	9	2		301	P1					
EPVKAEMH	9	2/3		128	P1					
VPGSDPAC	9	2/3		261	P2					
EGLEARGE	9	3		14	A03					
GLEARGEAL	9	3		15	A02					
EARGEALGL	9	3		17	A02					
ALGLVGQA	9	3		22	A02/A03					
GLVQAQPA	9	3		24	A02/A03					
LVQAQAPAT	9	3		25	A02					
PATEQEAA	9	3		31	A02/A03					
EAASSSSTL	9	3		37	A02					
AASSSSSTLV	9	3		38	A02					
LVNTLGEV	9	3		45	A02					
EVLGEVPA	9	3		47	A02/A03					
VLGEVPA	9	3		48	A02/A03					
LPTIHNYPL	9	3		71	P1					
PDLESEPA	9	3		99	A03					
HFLLKYRA	9	3		118	A03					
FFPVIFSKA	9	3		146	A03					

【0122】

【表40】

表5 (つづき)

記列	AA	Mage 性	モル	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
DP1GHLYIP	9	3		170	P2					
GONGINPKA	9	3		191	A03					
MPKAGLLII	9	3		196	P1					
AGLLIIVLA	9	3		199	A03					
KIMEELSVL	9	3		220	A02					
SVLEVFEGR	9	3		226	A03/A11					
EDSILGDPK	9	3		235	A03/A11					
SILGDPKKL	9	3		237	A02					
ILGDPKKL	9	3		238	A02					
FLMGPRALV	9	3		271	A02					
PRALVETSY	9	3		275	A01					
BALVETSYV	9	3		276	A02					
ALVETSYVK	9	3		277	A03/A11					
LVETSYVKV	9	3		278	A02					
YVAVLHVIV	9	3		283	A02					
KVLHVVKI	9	3		285	A02					
MVKISGEPH	9	3		290	A03/A11					
ISGPHISTY	9	3		293	A01/A03/A11					
CPHISTYPL	9	3		296	P1					
YFPLHNVL	9	3		301	P1					
VPISHLYILV	10	2		170	P1					
MPKTCGLIIV	10	2		196	P1					

【0123】

【表41】

表5 (つづき)

配列	AA	Mage 係	モル	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.1	A11	A24
VFEGRDVSPT	10	2		230	A24					
HPKLLIQDL	10	2		241	P1					
LHQDLVQENY	10	2		246	A01					
EFNGPRALI	10	2		270	A24					
GFRLIETSY	10	2		274	P2					
RALITSYVK	10	2		276	A11					
SYKVLJHTL	10	2		282	A24					
SYPLHREAL	10	2		300	A24					
APESKINEEL	10	2/3		216	P1					
PLEQRSQHCK	10	3		2	A03/A11					
HCKRPEEGLEA	10	3		9	A03					
ENGENGLV	10	3		17	A02					
RGENALGLVA	10	3		19	A03					
ENGLVGRQA	10	3		21	A02/A03					
LGLVGAQNP	10	3		23	A03					
GLVGAQNPAT	10	3		24	A02					
QNPATEGEA	10	3		29	A02/A03					
EAASSSTLV	10	3		37	A02					
TLNVTLGEV	10	3		44	A02					
EVLIGEVPAA	10	3		47	A02/A03					
POPPQSPQGA	10	3		59	A03					
LPTTNHYFLW	10	3		71	P2					

【0124】

【表42】

表 5 (つづき)

配列	AA	Mage 数	モル	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
PDLESEFOQA	10	3		99	A03					
YFFPVIFSKA	10	3		145	A03					
LGDMQIHPPA	10	3		190	A03					
MPKAGLLIIV	10	3		196	P1					
EVFEGRDSI	10	3		229	A02					
EDSILCDPKK	10	3		235	A03/A11					
SILGDPKKLL	10	3		237	A02					
ILGDPKKLLT	10	3		238	A02					
GDPEKLLTQH	10	3		240	A03/A11					
DPKLLTQHF	10	3		241	P2					
LTOHFQENY	10	3		246	A01/A03/A11					
FVQNTILEYR	10	3		250	A03/A11					
ACYEFLNGPR	10	3		267	A03/A11					
GPRALVETSY	10	3		274	P2					
RALVETSYVK	10	3		276	A03/A11					
ALVETSYVKV	10	3		277	A02					
LVETSYVKVL	10	3		278	A02					
YKRVLIHHYK	10	3		283	A03/A11					
MYKISGGPHI	10	3		290	A02					
KISGGPHISY	10	3		292	A01					
SPPHSFQQA	9	2		60	P2A					
APATEQQA	9	3		30	P2A					

【0125】

【表43】

表5 (つづき)

系列	AA	Module	モジュール	位置	モジュール	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
DPFQSPQA	9	3		60	P2A					
APATEQQA	10	2		30	P2A					
FPDLESEQA	10	2/3		98	P2A					
APATEQQA	10	3		30	P2A					
DFICHELIFA	10	3		170	P2A					
EMDPTGSH	9	1		161	1	0.56	0	0	0.0002	<0.0002
KVADLVQFL	10	1		105		0.0005	0.041	0.0039	0.0030	0.0070
ASSLPITINNY	10	3		8	1	2.3			0.043	
TQOLVQRY	9	1		240	1	0.57	0.0001	0	0	0
LYQERYLEY	9	1		243	3	0.16	0	0.0016	0.0098	0
ILLMQPIPV	9	3				<0.0001	1.4	0.0048	0.0048	0
EVDPIGHL	9	3				3.7		0.0022		
ASSFTTINY	10	2		8	1	0.016	0	0.0016	0.0054	0
VICLGLSY	8	1		172	1	0.022	0	0.0001	0.0007	0
SSLPITINNY	9	3		9	1	0.037	0	0.013	0.12	0
GSVYGMQY	9	3		77	1	0.0059	0	0.0009	0.075	0
OLVQERYLEY	10	1	※	242	3	0	0	0.0010	0	0
SSFSTTINY	9	2		9	1	0.016	0	0.0095	0.056	0
MLESVITNY	9	1		128	1	0.0016	0.0002	0.0006	0	0
KHVELVHPL	9	2				<0.0007	0.13	0.0007	0	0.0043
KHVELVHPL	10	2		105		<0.0008	-0.071	0.0004	0.0001	0.0008
LYPGIELMRY	10	3				0.0030	0.065	0.0007	0	0

【0126】

【表44】

表5 (つづき)

記列	AA	Mase 係	モル	価置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
SLFRAVITK	9	1		96	3,11	<0.0007	0.0001	3.9	2.6	0
ADLWCELLK	10	1		107	3	0.0012	0.0003	0.0081	0.022	0
ESLFRVITK	10	1		95	3	<0.0008	0	0.0090	0.0052	0
MLESVIRNWK	10	1				0	0	0.034	0.0045	0
LVGFLLK	8	1		109	3	0.0029	0.0002	0.027	0.034	0
TTINFTROR	9	1		66	3,11	0	0	0.051	0.40	0
LLGDNIHFK	10	1/3		162	3,11	<0.0007	0.0001	0.022	0.016	0
SYNVEYDOR	9	1		219	3,11	<0.0006	0	0.059	0.32	0
MSAVGEPRK	9	1		229	3	0.0007	0	0.0070	0.0015	0
LLTQDLVQEK	10	1		238	3,11	<0.0007	0	0.0014	0.011	0
LTQDLVQEK	9	1		239	3,11	0.0011	0	0.0002	0.16	0
NYEHCFFRIF	10	1		135	24	0	0	0	0	0.26
LYIFATCLGL	10	3		115	24	<0.0007	0	0.0006	0	0.0035
NYFLMSQSY	9	3		16	24	<0.0006	0	0	0.0001	0.016
SYLVVTCL	8	1		168	24	0.0039	0.00025	0.0020	0.0002	0.0026
ETSIVKVELEY	10	1				0.075	0	0.0009	0.0004	0
TSYVVELEY	9	1		275	3	0.082	0	0.23	0.013	0
FLSGPRALA	9	1				<0.0006	0.027	0.0015	0	0
ALATSIVYKV	10	1		271		<0.0007	0.017	0.0011	0.0029	0
NRVFFPFLR	10	1		290	3	<0.0007	0	0.25	0.0035	0
ALATSIVK	9	1				<0.0006	0.0002	0.17	0.39	0
LTQDLVQEKY	10	1		239	1	0.041	0	0	0.0002	0

【0127】

【表45】

表 5 (つづき)

配列	AA	Mass 数	モル	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A14
GFLLAYPA	9	1						0.0004	0.0002	
CFPEIFGKA	9	1						0	0	
FFPSLREA	9	1						0	0	
FFPSLRENA	9	1						0	0	
HCPEEIFGK	9	1		136	3,11			0.0017	0.0022	
ASLACKPEPA	10	1						0.0001	0.0008	
EFLMGPRALA	10	1						0	0	
FFPSLREA	10	1						0.0004	0	
FFPSLRENA	10	1						0	0	

【0128】

【表46】

表5 (つづき)

発明	出願	種別	分子	位置	モチーフ	A1	A2	A3	A11	A24	最大 結合
FSPAENLXY	c-Enb2			1213	ADI	5,5000		0.0005	0.0010		5,5000
CHOAKMSY	c-Enb2			836	ADI	0.7967		0.0003	0.0003		0.7967
ESMPHPCRT	c-Enb2			280	ADI	0.1800		0.0003	0.0003		0.1800
ASCVTACY	c-Enb2			293	ADI	0.0552		0.0008	0.0074		0.0552
FSPAENLXY	c-Enb2			1213	ADI	0.0425		0.0002	0.0004		0.0425
ASPLDSTFY	c-Enb2			997	ADI	0.0290		0.0002	0.0004		0.0290
RGTOLEFDNY	c-Enb2			103	ADI	0.0205		0.0003	0.0015		0.0205
PAEPLDSTFY	c-Enb2			996	ADI	0.0148		0.0003	0.0003		0.0148
LSAFLSLSY	HCV			2899	ADI	0.0100		0.0002	0.0002		0.0100
KSTRVPAAY	HCV			1236	ADI	0.0134		0.0009	0.0001		0.0134
DSSVLCFCY				1517	ADI	0.0110		0.0002	0.0003		0.0110
EVDPGILLY	MADE-3a	3	7707	161	ADI	12,5000					12,5000
EVDPGILLY	MADE-3a	3	7707	161	ADI	8,0000					8,0000
EVDPGILLY	MADE-3a	3	7707	161	ADI	5,5000					5,5000
EVDAIGHLY	MADE-3a	3	7707	161	ADI	5,3500					5,3500
EVDPGILLY	MADE-3a	3	7707	161	ADI	5,0000					5,0000
EVDPGILLY	MADE-3a	3	7707	161	ADI	4,6500					4,6500
EVDPGILLY	MADE-3a	3	7707	161	ADI	3,4500					3,4500
EVDPGILLY	MADE-3a	3	7707	161	ADI	2,9500					2,9500
EVDPGILLY	MADE-3a	3	7707	161	ADI	2,6667					2,6667
EVDPGILLY	MADE-3a	3	7707	161	ADI	2,4000					2,4000
EVDPGILLY	MADE-3a	3	7707	161	ADI	0,3300					0,3300
EVDPGILLY	MADE-3a	3	7707	161	ADI	0,1800					0,1800
EVDPGILLY	MADE-3a	3	7707	161	ADI	1,5000					1,5000
EVDPGILLY	MADE-4	4	7707	161	ADI	1,5000					1,5000
VGSQCTTHY	p53			225	ADI	0,3600		0.0003	0.0003		0,3600
PSQKTCQSY	p53			98	ADI	0,0140		0.0003	0.0003		0,0140
PLSEDDLLY	PAP			147	ADI	1,2000		0.0003	0.0003		1,2000
YESTSKLLNY	PAP			277	ADI	0,5650		0.0003	0.0003		0,5650
YASCHTLLY	PAP			310	ADI	0,5467		0.0003	0.0003		0,5467

【0129】

【表47】

表5 (つづき)

配列	塩基	糖	分子	位置	モチーフ	A1 結合	A2 結合	A3 結合	A11 結合	A24 結合	最大 結合
RVQGLIPREY	c-ErbB2			545	A03	0.0015		0.0350	0.0030		0.0150
QVNTQMPY	c-ErbB2			795	A03	0.0024		0.0112	0.0039		0.0112
VMNGVSPY	c-ErbB2			771	A03	0.0000		0.0575	0.0079		0.0575
THKAGSLY	IIIIV	ad	POL	724	A03	0.0017		0.2667	0.0016		0.2667
ILACTSEFY	IIIIV	ad	POL	1345	A03	0.0017		0.0140	0.0002		0.0140
KLIMASQIV	IIIIV		POL	958	A03	0.0070		0.1160	0.0006		0.1160
GLHKIVRY	IIIIV		GAG	374	A03	0.0017		0.0103	0.0002		0.0103
LVGFLLLY	MAGE-1	I		109	A03	0.0033		0.0563	0.0012		0.0563
CTRVRMAIY	PS3			154	A03	0.0027		0.0165	0.0002		0.0165
KIQNERVYV	IIIIV			1474	A03/A11	0.0056		0.1190	0.1350		0.1350
SLYTKVRY	PSA		POL	237	A03/A11	0.0017		0.6750	0.0140		0.6750
LYCGFADMGY	IIIV			126	A11	2.4500		0.0003	0.0120	0.0007	2.4500
ETAFLELL	IIIIV	con		131	A11			0.0037	0.0425	1.2567	1.2567
PMGLLEALL	c-ErbB2			8	A24					0.1650	0.1650
PYVSRLLGI	c-ErbB2			780	A24					0.1640	0.1640
VYHIVKGM	c-ErbB2			951	A24					0.1250	0.1250
AYSLTLQCL	c-ErbB2			440	A24					0.1200	0.1200
SYGVTVWEL	c-ErbB2			907	A24					0.0835	0.0835
LYTSAMPUSI	c-ErbB2			410	A24					0.0800	0.0800
WASGVVTWM	c-ErbB2			905	A24					0.0375	0.0375
SYGVTVWELM	c-ErbB2			907	A24					0.0375	0.0375
TYLPTNASH	c-ErbB2			63	A24					0.0218	0.0218
VYHIVKRCMH	c-ErbB2			951	A24					0.0176	0.0176
RFRELVSSEF	c-ErbB2			968	A24					0.0149	0.0149
CYCLGRENIL	c-ErbB2			342	A24					0.0120	0.0120
KWHALESIL	c-ErbB2			887	A24					0.0117	0.0117
FYLVPOGQFF	c-ErbB2			1022	A24					0.0107	0.0107
HYSEDTVTIL	c-ErbB2			1111	A24						
RFTHQSDW	c-ErbB2			898	A24						

【0130】

【表48】

表5 (つづき)

配列	基酸	様	分子	位置	モチーフ	A1	A2	A3	A11	A24	最大 結合
EYLVSGWM	IIV		NUC	117	A24					0.0335	0.0335
WFIISCLTF	IIV		NUC	102	A24					0.0300	0.0300
QYLAGSLT	IICV			177	A24					0.0475	0.0475
TYSTYGRFL	IICV			1296	A24					0.0225	0.0225
QYSPQQRVEF	IICV			2614	A24					0.0175	0.0175
KEHLCAGRW	PSA			190	A24		0.0003			0.0305	0.0305

【0131】

【表49】

表 5

AA	配列	源
9	GLNKIVRMY	HIV GAG 274
9	KLNWASQY	HIV POL 958
9	SIQNFVYY	HIV POL 1474
9	TLWKAGLY	HBV adr POL 724
9	ILRGTSFVY	HBV adr POL 1345
9	SLYTKVVHY	PSA 237
9	NTSSSPQPK	p53 311
9	NVKIPVAIK	c-ERB2 745
10	TLGPGAYMSK	HCV LORF 1261
10	GTRYRAMAY	p53 154
10	SAVSPVTSK	HBV adr POL 887
9	QITKIQNFR	HIV POL 1471
9	ITGLILTR	HIV ENV 2633
9	YLWEWASVR	HBV adr ENV 324
9	HTPSFRURR	HBV adr CORE 549
9	SLARGNQGR	HBV adr POL 805
10	YAYQATVCAR	HCV LORF 1587
10	ITYQOSYGFR	p53 101
9	VMCLRRFII	HBV ayw 237
9	VMCLRRFII	HBV ayw 237-245
9	KFMLCAGRW	PSA 190
10	IMPKTGLII	MAGE 1 188
8	ETAYFLLK	HIV con 1351
11	LTCGFADIMGY	HCV 126
9	CSPHHTALR	HBV NUC:XNUCFUS 48
9	VMPKTGILLI	MAGE 2 188
9	VMPKTGILLI	MAGE2 188-196
9	VAELVHPLL	MAGE 3 106
9	IMPKAGLLI	MAGE 3 188
10	VMPKTGILLI	MAGE 2 188
10	VMPKTGILLI	MAGE2 188-197

【0132】

【表50】

表 6 (つづき)

AA	配列	源
9	ASCVTACFY	c-ErbB2 291
9	VMAGVGSPFY	c-ErbB2 773
9	ASPLDSTFY	c-ErbB2 997
9	FSPAFDNLV	c-ErbB2 1213
9	KSTKVPAAY	HCV 1236
9	DSSVLCECY	HCV 1513
9	LSAFSLHSY	HCV 2889
9	PLSEDQLLY	PAP 147
9	YAVCDKCLK	HPV 16 E6 67
9	CMSCCRSSR	HPV 16 E6 143
9	RWGLLLALL	c-ErbB2 8
9	TYLPTNASL	c-ErbB2 63
9	CYGLGMEHL	c-ErbB2 342
9	AYSLLTGLL	c-ErbB2 440
9	PYVSRLIGH	c-ErbB2 780
9	KWMMALESIL	c-ErbB2 887
9	RFTHQSDVW	c-ErbB2 898
9	VWSYGVTVW	c-ErbB2 903
9	SYGVTVWEL	c-ErbB2 907
9	VYIMIMVKCW	c-ErbB2 951
9	RFRELVSSEF	c-ErbB2 968
9	WPHISCLTF	HBV NUC 102
9	TYSTYQKFL	HCV 1296
9	QYLAGLSTL	HCV 1777
10	IPSYKGLIMY	PAP 277
10	RGQTQFEDNY	c-ErbB2 103
10	ESMPNPEGRY	c-ErbB2 280
10	CMQIAKGMSY	c-ErbB2 826
10	PASPLDSTFY	c-ErbB2 996
10	FSPAFDNLVY	c-ErbB2 1213
10	PSQKTYQGSY	p53 98
10	VGSDCTTHY	p53 225
10	YASCHLTLEY	PAP 310
10	LYISAWPDSL	c-ErbB2 410

【0133】

【表51】

表 6 (つづき)

AA	配列	源
10	SYGYTVWELM	c-ErbB2 907
10	VYMDMVKQWM	c-ErbB2 951
10	EYLVPPQGGF	c-ErbB2 1022
10	RYSDDPTVPL	c-ErbB2 1111
10	EYLVSFQVM	HBV NUC 117
10	QYSPOQRVEF	HCV 2614
9	VYNFATCGI	LCMV glyco 15
9	GYCLTKWMI	LCMV glyco 283
9	MFEALPHII	LCMV glyco 7
9	IFALISFLL	LCMV glyco 43
9	LFKITTVNSL	LCMV glyco 342
9	LYTVKYPNL	LCMV nucleo 204
9	PYIACRTSI	LCMV nucleo 314
10	GYCLTKWMI	LCMV glyco 283
10	AYLVSIPLHL	LCMV glyco 446
9	RWCIPWQRL	CEA 10
9	IYPNASLLI	CEA 101
9	LWWVNNQSL	CEA 177
9	LYGPDAPTI	CEA 234
9	YSAEPPKFP	CEA 318
9	LWWVNNQSL	CEA 355
9	LYGPDPTI	CEA 412
9	TYVRPGVNL	CEA 425
9	LYGPDPTI	CEA 590
9	QYSWRNGI	CEA 624
9	TYACFVSNL	CEA 652
9	VWKTWGQYW	gp100 152
9	TVGGYVWFL	gp100 155
9	RYGSFSVTL	gp100 419
9	LMAYVLASL	gp100 606
9	IFWLRLPKF	gp100 636
9	SYKHQVYI	PAP 96
9	AKTNLAALF	PAP 116
9	VFLTSLVTW	PSA 2

【0134】

【表52】

表5 (つづき)

AA	配列	源
9	TWIGAAFLI	PSA 9
9	CYASGWGSI	PSA 148
10	YIMIVKICWMI	c-ErbB2 952
10	RWCIPWQRLI	CEA 10
10	FWNPPTTAKL	CEA 27
10	QYSWFVNGTF	CEA 258
10	TFQSTQELF	CEA 276
10	VYAEPPKPI	CEA 318
10	YYRPGVNLIS	CEA 426
10	QYSWLDGNI	CEA 446
10	SYLSGANLNL	CEA 604
10	HFLRNQPLTF	gp100 231
10	LFPFEGVSTW	PAP 123
10	TWIGAAFLIL	PSA 9
10	HYRCKWCKDTI	PSA 244
9	KLRKPKHKK	P. falciparum CSP 104
9	KILSVFFLA	P. falciparum EXP-1 2
9	ALPFIIFNK	P. falciparum EXP-1 10
9	GTOGVSSK	P. falciparum EXP-1 28
9	VLYNTEKGR	P. falciparum EXP-1 99
9	KYKLATSVL	P. falciparum EXP-1 73
9	PSENERGY	P. falciparum LSA1 1664
9	FLXENKLNK	P. falciparum LSA1 111
9	GVSENIPLK	P. falciparum LSA1 105
9	ILVNLIFH	P. falciparum LSA1 12
9	KSLYDEHK	P. falciparum LSA1 1854

【0135】

【表53】

表 6 (つづき)

AA	配列	源
9	LLIFHNGK	P. falciptarum LSA1 16
9	QSSLPODNR	P. falciptarum LSA1 1676
9	QTNFKSLLR	P. falciptarum LSA1 94
9	RINEEKHEK	P. falciptarum LSA1 49
9	SLYDEHCK	P. falciptarum LSA1 1855
9	VLAEDLYGR	P. falciptarum LSA1 1647
9	VLSHNSYEK	P. falciptarum LSA1 60
9	FYFILVNL	P. falciptarum LSA1 9
9	YYIPHQSSL	P. falciptarum LSA1 1671
9	PSDGKCNLY	P. falciptarum TRAP 207
9	LACAGLAYK	P. falciptarum TRAP 511
9	LLACAGLAY	P. falciptarum TRAP 510
9	LSTNLVYGR	P. falciptarum TRAP 122
9	QGINVAFNR	P. falciptarum TRAP 192
9	RGDNFAVEK	P. falciptarum TRAP 307
9	RSRKREILH	P. falciptarum TRAP 262
9	SLSTNLVY	P. falciptarum TRAP 120
9	KYLVIVFLI	P. falciptarum TRAP 8
9	PYAGEFAPF	P. falciptarum TRAP 528

【0136】

【表54】

表6 (つづき)

AA	配列	源
10	VTGNGIQVR	P. falciparum CSP 375
10	GTGSGVSSKK	P. falciparum EXP-1 28
10	LALFFHFNK	P. falciparum EXP-1 9
10	FQDEENIGY	P. falciparum LSA1 1794
10	FILVNLIFH	P. falciparum LSA1 11
10	HVLSHNSYEK	P. falciparum LSA1 59
10	KSLYDEHIKK	P. falciparum LSA1 1854
10	ALLACAGLAY	P. falciparum TRAP 509
10	IIRLHSDASK	P. falciparum TRAP 100
10	LLACAGLAYK	P. falciparum TRAP 510
10	RLHSDASKNK	P. falciparum TRAP 102
9	ILGPFVFTLT-NH2	Flu Matrix 59-67
10	KGILGPFVFTL- NH2	Flu Matrix 57-66
9	KLQCVPLHV	PSA 166-174 P/D
9	KLQCVPLHV	PSA 166-174 P/D
9	KLQCVPLHV	PSA 166-174 P/D
11	KQVPLRPMTYK	940.01 N-末端 伸長
9	KLAEYVAKV	A2.1コンセンサス
9	KLAEYVAKV	A2.1コンセンサス
9	KLAEYVYKV	A2.1コンセンサス
9	KVFEYLINIK	A3.2コンセンサス
10	KVFPYALINIK	A3.2コンセンサス
9	AVFAYAAAK	A3.2コンセンサス
9	ALEPAIAKY	A1コンセンサス

【0137】

【表55】

表6 (つづき)

AA	配列	源
9	YLEPAIAKY	A1コンセンサス
9	ALEPYIAKY	A1コンセンサス
9	YLEQYIEKY	A1コンセンサス
9	GTEKLLAKY	A1コンセンサス
9	ATEPAIAKY	A1コンセンサス
9	ATNYPAIQK	A11コンセンサス
9	ATNVPAIQK	A11コンセンサス
9	ATNAPYIQK	A11コンセンサス
9	ATNAVYIQK	A11コンセンサス
9	ATNAAYAQK	A11コンセンサス
9	AVNAAYAQK	A11コンセンサス
9	AVNAPYIQK	A11コンセンサス
9	AVNAVYIQK	A11コンセンサス
9	PTDPKLINY	A1コンセンサス
9	GTDPKLINY	A1コンセンサス
9	YTDPKLINF	A1コンセンサス
9	PTDPKLINY	A1コンセンサス
9	FTDQAVBKV	A1コンセンサス
9	YTDQAVBKV	A1コンセンサス
9	YTDQKLINF	A1コンセンサス
9	STNPKPQKK	HCV-core 2-10
11	STNPKPQKKNK	HCV-core 2-12
9	SFFPEITYI	F815アナログの B区ペプチド; Y2~F
9	ATDPNFLLY	A1コンセンサス
9	ATDKNFLLY	A1コンセンサス
9	ALMEKTYQV	A2.1コンセンサス + ペプチド
9	ALSEKTYQV	A2.1コンセンサス + ペプチド
9	AVYDPIQK	A3.2コンセンサス + ペプチド
9	AVYDKHIQK	A3.2コンセンサス + ペプチド
9	AVKNPMIQK	A11コンセンサス + ペプチド

【0138】

【表56】

表6 (つづき)

AA	配列	源
9	AVMNMQK	A11 コンセンサス ・ペプチド
9	AYMDMVNSF	A24 コンセンサス ・ペプチド
9	AYIDNVNSF	A24 コンセンサス ・ペプチド
9	KLAAAAAK	A3.2/A11 poly-A アナログ
9	DVFRDPALK	A=68 内因
9	GYKDGNEYI	Lm listeriolysin 91-99
10	MMWVYWGPSLY	HBV
11	MMWVYWGPSLY	HBV
9	RYLRDQQL	HTV env
8	FLLLKYRA	MAGE-1
9	IMPKTGFLI	MAGE-1
9	YADLYGFLI	MAGE-1
10	IMPKTGFLI	MAGE-1
11	FLIFLVMIAM	MAGE-1
11	CILESCFRAVI	MAGE-1
9	MYRPDAIQL	P. Yodlii SSP1 143
10	NYSPNGNTNL	P. Yodlii SSP1 119
9	KFNPMTIH	Kd コンセンサス ・ペプチド
9	AMDKNLDFI	Dd コンセンサス
9	AMDKNLYFI	Dd コンセンサス ・アナログ
11	STLPETYVVR	HCV 141-151 アナログ
9	QYDDAVYKL	Cw4 コンセンサス
10	FQDPQERPRK	HPV16 E6
10	VFEFAFKDLF	HPV18 E6
9	VVYRDSIFI	HPV18 E6
9	IFEANGNLI	Flu HA 240-248
9	IYATVAGSL	HA 329-337

【0139】

【表57】

表 6 (つづき)

AA	配列	源
9	SYPSAEEK	P. bergali CS 252-260
9	KYQAVTTTL	腫瘍 P198 14-22
10	MYPHFMPNTL	MCMV pp49 167-176
9	AYPNVSAKI	Lm listeriolysin 196-204
9	AYTGGKINI	Lm listeriolysin 413-421
9	SAISSILSK	HBV ENV 159
9	OAGFLLTK	HBV ENV 190
9	SALYREALK	HBV NUC 64
9	RAKWNNTLK	HIV env 370
9	RATQIPSYK	PAP 273
9	TAACIRNK	PSA 58
9	MAVFIHNFK	HIV pol 909
9	TAGILELLK	HPV 6b E1 192
9	RAALLGKFK	HPV 6b E1 205
9	CATMCRHYK	HPV 6b E1 406
9	TAACSHGK	Flu HA-1 132
9	NANANSAVK	P. fai csp 304
9	GAPKVPGVK	LCMV glyco 484
9	RARVHPITR	HBV POL 244
9	CALPFTSAR	HBV X 69
9	NMLESLDK	LCMV nuc 259
9	WMILAAELK	LCMV glyco 289
9	EMNLPGRWK	HIV pol 107
9	SSLQSKHRK	HBV POL 201
9	OSTHVSWPYK	HBV POL 398
9	TSDLEAYFK	HBV X NUC FUS 105
9	ASQIYAGIK	HIV pol 435
9	ASCDKCQLK	HIV pol 769
9	MSLAADLEK	LCMV nuc 100
9	YSSKNLMEK	Mel. tyro 25

【0140】

【表58】

表 6 (つづき)

AA	配列	源
9	LSTNLPY GK	<i>P. fal</i> asp2 122
9	STDHIPILY	A1 自然処理
9	STAPPAHGV	乳房 mucin 9-17
9	LMAVVVLASL	gp100
9	WSQKRSFVY	gp100
9	PLDCVLYRY	gp100
10	PSSVGSRSSEY	gp100
9	YTAVVPLVY	Hu J 膜 102-110

【0141】

【表59】

表 7

AA	配列	源
8	LTELYFEK	PAP 315
9	TISPSYTY	CEA 419
9	GTGCGWFF	HPV 6b/11 E1 11
9	LTEMVQWAY	HPV 6b/11 E1 358
9	ITVMNSGS	CEA 289
9	CTGWFMEV	HPV 6b/11 E1 14
9	ATVQDLKK	HPV 6b/11 E1 77
9	AVESEISPR	HPV 6b/11 E1 101
9	FLNSNMQAK	HPV 6b/11 E1 393
9	ITRQTVEH	HPV 6b/11 E1 341
9	IVGPPDTGK	HPV 6b/11 E1 476
9	KLIEPLSL	HPV 6b/11 E1 254
9	KLWLHGTPK	HPV 6b/11 E1 462
9	KMSDKQWK	HPV 6b/11 E1 420
9	VVAGFGIHH	HPV 6b/11 E1 238
9	HLFGYSWYK	CEA 61
9	ISPSYTYR	CEA 420
9	HTQVLFIAX	CEA 636
9	ITVYAEPPK	CEA 316
9	ITVSAELPK	CEA 494
9	RLQLSNGNR	CEA 190
9	RLQLSNGNR	CEA 546
9	RUNGIPQQH	CEA 628
9	SNMQAKYVK	HPV 6b/11 E1 396
9	EWITRQTVI	HPV 6b/11 E1 339
9	FFERLSSL	HPV 6b/11 E1 613
9	NWKPTVQFL	HPV 6b/11 E1 439
10	PTISPSYTY	CEA 418
10	PTISPLNTSY	CEA 240
10	HSASNPSPQV	CEA 616
10	KLIEPLSLYA	HPV 6b/11 E1 254
10	AIVGPPDTGK	HPV 6b/11 E1 475
10	DCATMCRHYK	HPV 6b/16 E1 405
10	KLWLHGTPKK	HPV 6b/11 E1 462
10	WVWAGFGIHH	HPV 6b/11 E1 237

【0142】

【表60】

表 7 (つづき)

AA	配列	源
10	TITVSAELPK	CEA 493
10	TFWNPPITAK	CEA 26
10	TISFSYTYR	CEA 419
10	TISPLNTSYR	CEA 241
10	RTLTLFNVTR	CEA 198
10	RTLTLFNVTR	CEA 554
10	RTLTLFSVTR	CEA 376
10	ATPGPAYSGR	CEA 89
10	ASGHSRTTVK	CEA 483
10	QFLRHONIEF	HPV 6b/11 E1 445
10	TPTFNPFPPF	HPV 6b/11 E1 586
9	RVDCTPLMY	Prost.Ca PSM 463
9	LLSLYGINK	Prost.Ca PAP 243
9	STVLPEDCR	Prost.Ca PSM 590
9	KSLYESWTK	Prost.Ca PSM 491
9	SMKHQEMK	Prost.Ca PSM 615
9	SLYESWTKK	Prost.Ca PSM 492
9	YSLVHNLTK	Prost.Ca PSM 471
9	HLTELYFEK	Prost.Ca PAP 314
9	RATQIPSYK	Prost.Ca PAP 273
9	ASGRARYTK	Prost.Ca PSM 531
9	SLYGINKQK	Prost.Ca PAP 245
9	RDYAVVLXK	Prost.Ca PSM 598
9	SSHDLMLLR	Prost.Ca PSA 113
9	GAAPLILSR	Prost.Ca PSA 12
9	KIIVARYGK	Prost.Ca PSM 199
9	RAAPLLLAR	Prost.Ca PAP 2
9	VVLKCYADK	Prost.Ca PSM 602
9	GLPDRPFYR	Prost.Ca PSM 680
9	WLDKSVLAK	Prost.Ca PAP 25
9	KVFRGNKYK	Prost.Ca PSM 207
9	JVRSFGTLK	Prost.Ca PSM 398
9	KIYSIMKH	Prost.Ca PSM 610
9	RSVLAKELK	Prost.Ca PAP 28
9	STNEVTRYJ	Prost.Ca PSM 348
9	GFLLGLFLF	Prost.Ca PSM 31

【0143】

【表61】

表7 (つづき)

AA	配列	源
9	LYSDPADYF	Prost.Ca PSM 227
9	KYADKIYSL	Prost.Ca PSM 606
9	NYARTEDF	Prost.Ca PSM 178
9	AYINADSI	Prost.Ca PSM 448
9	SASFCGSPY	HBV POL 145
9	AFTFSPYX	HBV POL 655
9	SVVRRAPFH	HBV POL 524
9	RWMCLRBF	HBV ENV 236
9	SWLSLLVPF	HBV ENV 334
9	SWWTSLNFL	HBV ENV 197
9	PWTHKVGNF	HBV POL 51
9	SPCGSPYSW	HBV POL 167
10	NADSSIEGNY	Prost.Ca PSM 451
10	GLDSVELAHY	Prost.Ca PSM 104
10	RATQPSYKQ	Prost.Ca PAP 273
10	LGFLQGFQK	Prost.Ca PSM 35
10	SSIEGNYTLR	Prost.Ca PSM 454
10	KSLYESWTKK	Prost.Ca PSM 491
10	SLLSLYGHIK	Prost.Ca PAP 242
10	FLYNFTQPH	Prost.Ca PSM 73
10	VYIAPSSHNK	Prost.Ca PSM 690
10	AVVLRKYADK	Prost.Ca PSM 601
10	KSPDEGFEGK	Prost.Ca PSM 482
10	JVRSFGTLKK	Prost.Ca PSM 308
10	RIYNVIGTLR	Prost.Ca PSM 354
10	LSLYGHIKQK	Prost.Ca PAP 244
10	MSLLKNRFLR	Prost.Ca PSA 99
10	ISMKNPQEMK	Prost.Ca PSM 614
10	RAVCGGVLVH	Prost.Ca PSA 43
10	GSAPPDSWR	Prost.Ca PSM 311
10	SIFVHPGY	Prost.Ca PSM 291
10	CSGKVIARY	Prost.Ca PSM 196
10	ETVELVEKY	Prost.Ca PSM 557
10	RLQERGVAY	Prost.Ca PSM 440
10	FYDPMFKYHL	Prost.Ca PSM 565
10	TSVSVFDSL	Prost.Ca PSM 624

【0144】

【表62】

表 7 (つづき)

AA	配列	源
10	LYNFTQPHL	Prost.Ca PSM 74
10	GWRRRTILF	Prost.Ca PSM 409
10	FAAPFTQGY	HBV POL 631
10	BWMCLRRFII	HBV ENV 236
10	WTFVGLSPVW	HBV ENV 345
10	SWPKFAVNL	HBV POL 392
10	VFADATPTGW	HBV POL 686
9	FIFHKFQTK	HTLV-I tax 276
9	FLTNVVPYKR	HTLV-I tax 182
9	ITWDPIDGR	HTLV-I tax 34
9	SALQFLIPR	HTLV-I tax 66
9	LSFFDPGLR	HTLV-I tax 121
9	QSSSFIFHK	HTLV-I tax 272
9	GLCSARLHR	HTLV-I tax 34
9	RLPSFPTQR	HTLV-I tax 74
9	AMRKYSFER	HTLV-I tax 108
9	ISGLCSAR	HTLV-I tax 31
9	ALFTAQEAR	HPV 16 E1 69
9	ATMCKHYKR	HPV 16 E1 406
9	FMSFLTALK	HPV 16 E1 453
9	GVSPSELVR	HPV 16 E1 216
9	KAAMLAKFK	HPV 16 E1 204
9	LTNINVLK	HPV 16 E1 191
9	LVRPFKSNK	HPV 16 E1 222
9	MSFLTALKR	HPV 16 E1 454
9	NSNASAFK	HPV 16 E1 386
9	QMSMSQWIK	HPV 16 E1 419
9	RLKAICEK	HPV 16 E1 109
9	SLFGMSLMK	HPV 16 E1 484
9	SMSQWIKYR	HPV 16 E1 421
9	TAAALYWYK	HPV 16 E1 315
9	VVLLLVRYK	HPV 16 E1 274
9	ALLRYKCGK	HPV 18 E1 284
9	ATMCKHYRR	HPV 18 E1 413
9	CATMCKHYR	HPV 18 E1 412
9	PTFLGALK	HPV 18 E1 460

【0145】

【表63】

表 7 (つづき)

AA	配列	源
9	GVLLALLR	HPV 18 E1 279
9	KLKAGQNLIR	HPV 18 E1 647
9	LILLALLRYK	HPV 18 E1 281
9	LITNIMPAK	HPV 18 E1 571
9	NMSQWIRFR	HPV 18 E1 428
9	NSMAAFLK	HPV 18 E1 393
9	SVAALYVYR	HPV 18 E1 322
9	WTYFDTYMR	HPV 18 E1 536
9	YVQATVDKK	HPV 18 E1 19
9	IKNFDFIK	GCDFP-15 36
9	VLAVQTEIK	GCDFP-15 35
10	IKNFDFIK	GCDFP-15 35
10	TACLCDNPK	GCDFP-15 87
10	AVLAVQTEIK	GCDFP-15 54
10	TFYWDFTYNR	GCDFP-15 97
9	ASCHLTELY	PAP 311
10	KGEYFVEMY	PAP 322
10	LTAACIRNK	PSA 57
9	PLYDMSLLK	PSA 95
9	QVHPQKYTK	PSA 182
9	SLLKNRFLR	PSA 100
9	YTKVVHYRK	PSA 239
9	TLWKAGELY	HBV pol 150
9	SLYTKVVHY	PSA 237
9	PVNRPIDWK	HBV POL 612
9	RHYLHTLWK	HBV POL 719
11	HTLWKAGELY	HBV POL 149
11	GTDNVVLRSK	HBV POL 735
11	RVTGGVFLVDK	HBV POL 357
8	ATQIPSYK	PAP 274
9	WMNSTGFTK	HCV コンセンサス
9	RVLEDGVNY	HCV コンセンサス
9	RLIAPITAY	HCV コンセンサス
9	GVLAALAAAY	HCV コンセンサス
9	RVCEKMALY	HCV コンセンサス

【0146】

【表64】

表 8

ペブチド	AA	E列
1235.01	10	AVFDKSDAK
25.0149	9	CALFTSAR
26.0153	9	SSAGPCALR
F104.02	9	SLTPPHSAK
F105.01	9	AIFQSSMTK
F105.02	9	GIFQSSMTK
F105.03	9	AAFOSSMTK
F105.04	9	AAQSSMTK
F105.05	9	AIFASSMTK
F105.06	9	AIFQASMTK
F105.07	9	AIFQASMTK
F105.08	9	AIFQSSATK
F105.09	9	AIFQSSMAK
F105.10	9	AIFQSSMTA
F105.11	9	FIQSSMTK
F105.12	9	SIQSSMTK
F105.14	9	ANFOSSMTK
F105.16	9	AIFQCSMTK
F105.17	9	AIFQSSMTR
F105.19	9	AIFQSSMTY
F105.20	9	AIFQSSMTR
F105.21	9	AIFQSSMTR
F105.24	10	PAIFQSSMTK
F105.25	10	AIFQSSMTKI
27.0103	9	AIIIHQQOK
27.0104	9	YGFRLGFLH
27.0108	9	SSCMGGMNR
27.0235	10	TCTYSPALNK
27.0239	10	NSSCMGGMNR
27.0240	10	SSCMGGMNR
27.0250	10	KSKKGQSTR
27.0252	10	TSRHHKLMFK
28.0062	8	FMFSPYTK
28.0063	8	FVFSPTYK
28.0066	8	TMLXMXXX

【0147】

【表65】

表 8 (つづき)

ページ	AA	配列
28.0322	9	SMICSVRR
28.0323	9	SVICSVRR
28.0324	9	KVGNFTGLK
28.0325	9	KVGNFTGLR
28.0326	9	VVFFSQFSR
28.0327	9	SVNRPIDWK
28.0328	9	TLWKAGILK
28.0329	9	TLWKAGELR
28.0330	9	TMWKAGELY
28.0331	9	TVWKAGELY
28.0332	9	RMVYLHLWK
28.0333	9	RVYLHLWK
28.0334	9	AMTFSPITYK
28.0335	9	AVTFSPITYK
28.0336	9	SVVRRAFP
28.0337	9	SVVRRAFP
28.0338	9	ISEVRHYXY
28.0339	9	GTGXNGWFY
28.0340	9	ASKHLELY
28.0341	9	ASXDKXOLK
28.0371	9	RYXKEMALY
28.0372	9	XTOWFMVEA
28.0374	9	HISXLTGR
28.0375	9	AVXTRGVAK
28.0377	9	HLFXHSNK
28.0378	9	HTMLXMDXX
28.0381	9	RLKADKPK
28.0383	9	TLFXASDAK
28.0384	9	ALLRYKXGK
28.0387	9	ATMOXHYKR
28.0388	9	XATMOXHYK
28.0390	9	ATMOGHYRR
28.0391	9	LLAXAGLAY
28.0392	9	LAXAGLAYK
28.0393	9	SIVLPEDXR
28.0394	9	AAXXWAGDK
28.0628	10	QMFTSPITYK

【0148】

【表6】

表 8 (つづき)

ペプチド	AA	配列
28.0629	10	QVPTSPITYK
28.0630	10	TMWKAGILYK
28.0631	10	TVWKAGILYK
28.0632	10	VMGGVFLVDK
28.0633	10	VVGGVFLVDK
28.0635	10	SVLPETIVVR
28.0638	10	HTLWKAGELK
28.0640	10	HMLWKAGILY
28.0395	9	SADKSVVR
28.0644	10	GTFSNVLSR
28.0645	10	YMFDPVLGAK
28.0646	10	MMWYWGFSLK
28.0647	10	MMWYWGFSLR
28.0645	10	FVGGWEK
28.0667	10	ILEXVYK
28.0668	10	SIPHAAXHK
28.0670	10	IVXPDSQK
28.0671	10	LIRXLRQK
28.0672	10	XTYSPALNK
28.0675	10	TVXAGGXAR
28.0676	10	HISXLTFR
28.0677	10	XVNXSQFLR
28.0678	10	LIFXHSQK
28.0679	10	FVLGGXRHK
28.0713	10	TSADKSVVR
28.0714	10	HLIPXHSKCK
28.0715	10	LLTRXINXQK
28.0716	10	GIVXPDSQK
28.0717	10	LLIEXLRQK
28.0718	10	SEQRSLHXK
28.0720	10	RIVGGWEK
28.0721	10	DILEXVYK
28.0722	10	XVYKQQLR
28.0723	10	RAVXGGVLVH
28.0725	10	LTAARXIRNK
28.0728	10	KAAKWWAGK
28.0730	10	VVRXPHFR

【0149】

【表67】

表 8 (つづき)

ペプチド	AA	配列
28.0731	10	LLGFWGXSOK
28.0732	10	TTLFKASDAK
28.0734	10	RTVXAGGXAR
28.0736	10	GTQREKCKSK
28.0737	10	LVQNPANPDXX
28.0738	10	VTXGNQIQVR
28.0739	10	DXATMXRHYK
28.0740	10	GLAXHQLXAR
28.0741	10	ALLAXAGLAY
28.0742	10	LLAXAGLAYK
28.0743	10	XVARXPSGVE
28.0745	10	LVEXTMEK
28.0746	10	LLNVXMQIAX
28.0824	11	HMLWKAGILYK
28.0825	11	HVLWKAGILYK
28.0826	11	SMLPETTVVRR
28.0827	11	SVLPETTVVRR
28.0828	11	GMDNSVVLRSK
28.0829	11	GVDSNVVLRSK
28.0830	11	GTFSNVVLRSK
28.0869	9	GLAXHQLXA
1259.02	9	DTVDTVLEK
1259.10	9	PVTIGCEPK
1259.14	10	FTAVQKEFNK
1259.16	11	RTLDFHDSNVK
1259.21	11	KTRPPLSPLK
1259.26	11	GTHPSSSAGLK
1259.28	11	ILWLDRLFFK
1259.29	9	WILDRLFFK
1259.30	11	CYRFRKYGLK
1259.31	9	KSMREEFYRK
1259.33	9	YIQMCTELK
1259.37	10	MVMELVRMIX
1259.38	9	VMELVRMIX
1259.41	11	LIRPNENPAHK
26.0023	8	VSGVYWR
26.0024	8	VSPWTHK

【0150】

【表68】

表 8 (つづき)

ペプチド	AA	配列
25.0026	8	ASFCGSPY
25.0035	9	TSPVELSLY
26.0036	9	TSIPFLHEY
26.0041	9	FNDPQPGTY
26.0045	9	VYDLGALRY
26.0051	9	DADRSFIEY
26.0055	9	NMDKAVKLY
26.0056	9	TTDNFYRNY
26.0058	9	HSAEALQKY
26.0059	9	LTAGLDFAY
26.0061	9	LTYYKYNQFY
26.0062	9	CSNDKSLVY
26.0063	9	RSARASSRY
26.0065	9	ASADKPYSY
26.0067	9	STTAGPNEY
26.0069	9	LSGNQHPHY
26.0073	9	HTFVQANLY
26.0074	9	GTATYLPFY
26.0081	9	RLDAPROTY
26.0082	9	KAEVHTFYY
26.0083	9	VAEGDTVIY
26.0084	9	LTEIDIRDY
26.0085	9	HTEFEGQVY
26.0086	9	VSDGGPNLY
26.0092	9	IEDQYNRY
26.0093	9	FLDQWWTEY
26.0095	9	FVEDPNGKY
26.0096	9	ISDESYRVY
26.0156	9	YLAEADLSY
26.0197	9	ALLAVGATK
26.0198	9	ALNFPQSQK
26.0199	9	AVGATKVPR
26.0203	9	FVSYSVQLR
26.0204	9	GTATLRLVK
26.0205	9	GVSRLRTRK
26.0207	9	LIYRRRLMK
26.0211	9	QIVLHQLK

【0151】

【表69】

表 8 (つづき)

ペプチド	AA	配列
26.0212	9	SSHWWLRLPR
26.0214	9	TMEVTVYHR
26.0216	9	VLASLIYRR
26.0217	9	VSCQGOLF
26.0218	9	VVLASLIYR
26.0227	9	GTQCALTRR
26.0251	9	FTIPYWDWR
26.0252	9	GTPEGPLRR
26.0253	9	KSYLEQASR
26.0255	9	LVSLCRHK
26.0256	9	MVPFPLVLR
26.0258	9	QTSAGHFPR
26.0259	9	SIPEQWLRR
26.0260	9	SLLCRHKRK
26.0261	9	SSWQVCSR
26.0267	10	NMQQGOVLTY
26.0273	10	RMAQNFMRY
26.0274	10	PTVQGSLSGY
26.0275	10	QTSPTLSLY
26.0276	10	SSNAILSLY
26.0280	10	TSQPPWTADY
26.0284	10	VSDVSTIPPY
26.0285	10	ASDAQSANKY
26.0286	10	PTETNLAGEY
26.0287	10	YVDGFEPNGY
26.0291	10	FNDPQPTYY
26.0296	10	FLDQWWTEYY
26.0299	10	AAEFATETAY
26.0309	10	NAEVVLNQLY
26.0311	10	FVDGDSLFEY
26.0316	10	PSDAQVAVY
26.0317	10	MSDNIRTGLY
26.0318	10	ESELREILNY
26.0319	10	CMESVRNGTY
26.0320	10	KTENGITRLY
26.0321	10	LTEIDIRDY
26.0327	10	LLVLMAYVLA

【0152】

【表70】

表 8 (つづき)

ペプチド	AA	配列
26.0424	10	AVVLASLIYR
26.0425	10	GALLAVGATK
26.0426	10	GTATLRLVKR
26.0427	10	HTMEVTYYIR
26.0428	10	IALNFGSQK
26.0432	10	QLRALDGGNK
26.0433	10	QVPLDCVLYR
26.0434	10	SLIYRRRLMK
26.0435	10	SSHWLRLPR
26.0438	10	TVSCQGLPK
26.0442	10	VVLASLIYR
26.0466	10	YVKVLHHTLK
26.0473	10	LIGCWYCRRL
26.0474	10	LLIGCWYCRRL
26.0485	10	SSMHNALHIY
26.0504	10	CVSSKNLMEK
26.0510	10	FSSWQIVCSR
26.0511	10	GLVSLLCRHK
26.0518	10	YMVFFIPLYR
26.0535	11	GVWIRTPPAYR
26.0539	11	RLVVDQSFSR
26.0545	11	TLPETTVVRR
26.0549	11	LLPIFFCLWVY
	11	STLPETTVVRR
26.0550	11	RAFPHCLAFSY

【0153】

【表71】

表 9

配列	AA	Mage 様	分子	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
ALEAQEAL	9	1		15	2.1		<0.0003			
YLESIFAV	9	1		93	2.1		0.0004			
VITKAVADL	9	1		101	2.1		<0.0003			
CLGLSTOGL	9	1/3		174	2.1		0.0004			
QIMPTGEL	9	1		187	2.1		0.0007			
SLHRTFEAL	10	1		7	2.1		0.0002			
PLUGTLEEV	10	1		37	2.1		0.0008			
CILESIFAV	10	1		92	2.1		0.0003			
AVITKAVADL	10	1		100	2.1		0			
VITKAVADV	10	1		101	2.1		0			
LLKYRAREPV	10	1/3		114	2.1		0			
EIFQANSESL	10	1		142	2.1		0			
CLGLSTOGL	10	1/3		174	2.1		0			
AISKAVEL	9	2		101	2.1		0.0003			
KVGLVHFL	9	2		105	2.1		0.16			
KVELVHFL	9	2		106	2.1		0.0011			
DIQSSSRVL	9	2		143	2.1		0			
SLRVLAQGL	9	2		147	2.1		0.0001			
ALISKVAEL	9	3		101	2.1		0.0050			
HLXIFATCL	9	3		167	2.1		0.0003			
YIFATCLGL	9	3		169	2.1		0.018			
QIMKAGLL	9	3		187	2.1		0			

【0154】

【表72】

表9 (つづき)

配列	AA	Mage 株	分子	位置	モチーフ	Δ ₁	Δ _{2.1}	Δ _{3.2}	Δ ₁₁	Δ ₂₄
ALSRKVELV	10	2		101	2.1		0			
MYELVHLL	10	2		106	2.1		0.0017			
KLPGLLSROL	10	2		135	2.1		0			
LLSRDLQSSL	10	2		139	2.1		0.0007			
SLPTIRNYPL	10	3		63	2.1		0.0035			
DLESEFQAL	10	3		93	2.1		0.0001			
ALSRKVELV	10	3		101	2.1		0.0001			
KVARLVHLL	10	3		105	2.1		0.012			
VIFKASSSL	10	3		142	2.1		0			
SLQVFGIEL	10	3		150	2.1		0.0049			
LAEVDFIGHL	10	3		159	2.1		0.0005			
FLIVLVNI	9	1		194	2.1		0.0005			
GLLGGHQIM	9	1		181	2.1		0.0051			
SLCKPREA	9	1		7	2.1		0.013	<0.0002	0	
ALGLVCVOA	9	1		22	2.1		0.015	<0.0002	<0.0002	
CKPRALEA	9	1		10	ランダム		<0.0002			
QQRALGLVC	9	1		19	ランダム		<0.0002			
VQAATSSS	9	1		28	ランダム		<0.0002			
PLVGLTAS	9	1		37	ランダム		<0.0002			
VPIAGSDP	9	1		46	ランダム		<0.0002			
POSPQASA	9	1		55	ランダム		<0.0002			
FTTINFR	9	1		64	ランダム		<0.0002			

【0155】

【表73】

表9 (つづき)

配列	AA	Mase 性	分子	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
QRPSEGS	9	1		73	ランダム		<0.0002			
SREERGPST	9	1		82	ランダム		<0.0002			
AVTKRYAD	9	1		100	ランダム		<0.0002			
EMLESVIKN	9	1		127	ランダム		<0.0002			0
YKCFPEIF	9	1		136	ランダム		<0.0002			
GKASESLQL	9	1		145	ランダム		<0.0002			
VFGIDVKEA	9	1		154	ランダム		<0.0002	<0.0002	0	
DPTCHSTVL	9	1		163	ランダム		<0.0002			
VTCLGLSYD	9	1		172	ランダム		<0.0002			
PRTYFLITV	9	1		190	ランダム		<0.0002			
LYMIANEKG	9	1		199	ランダム		<0.0002			
HAPRESIWE	9	1		208	ランダム		<0.0002			
ELSMRYVD	9	1		217	ランダム		<0.0002			
GRENSAYGE	9	1		226	ランダム		<0.0002			
PKILITQDL	9	1		235	ランダム		0.0002			
YORKYLEYD	9	1		244	ランダム		<0.0002			
RCRTVPIHA	9	1		253	ランダム		<0.0002			
MSCGVQGP	9	1		262	ランダム		<0.0002			
ILESIFRAVL	10	1		93	2.1		0.0002			
FLITVIMIA	10	1		194	2.1		0.0003	0.0093	0.0010	
LVFQIDVKEA	10	1		153	2.1		0.0002	<0.0002	0	
EYTDGRHNSA	10	1		222	2.1		0	<0.0002	0	

[0156]

[表74]

表9 (つづき)

配列	AA	Mass 数	分子	価数	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
GUQPSLKPA	10	1		266	2.1		0.0001			
QLVFIDV	8	1		152	2.1		0			
KLITQIV	8	1		237	2.1		0.0004			
GLLGNQI	8	1		181	2.1		0			
DLVGFLL	8	1		168	2.1		0			
GLSYDGL	8	1		176	2.1		0.0001			
DLVQKYL	8	1		242	2.1		0			
LLGNQIM	8	1		182	2.1		0			
FLIIVLV	8	1		194	2.1		0			
ALRAQQA	6	1		15	2.1		0			
TLREVPY	8	1		42	2.1		0			
IMRTGFL	6	1		188	2.1		0.0001			
PVTKASG	8	1		122	2.1		0			
IVLVHIAN	8	1		197	2.1		0.0001			
AVITTKVA	6	1		100	2.1		0			
EIMBELSV	8	1		213	2.1		0			
LIIVLVH	8	1		195	2.1		0.0001			
IVLVHIA	8	1		196	2.1		0.0002			
SLFRVITKKV	11	1		96	2.1		0.0001			
LLLYKRAEPV	11	1		113	2.1		0.0001			
YLEYGRCTVI	11	1		248	2.1		0.0006			
ALRAQQAALGL	11	1		15	2.1		0.0001			

[0157]

[表75]

表9 (つぎ)

配列	AA	Mase 様	分子	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
FLIIVANNIAM	11	1		194	2.1		0.0041			
VLTGLEVPFA	11	1		39	2.1		0.0002			
QVFGIDVKEA	11	1		152	2.1		0.0001			
AVITIKKADIV	11	1		100	2.1		0			
PVTAKMLSEV	11	1		122	2.1		0			
KVADLVGFLL	11	1		105	2.1		0.020			
GVQPSLKPAM	11	1		266	2.1		0			
LVGFILLKTRA	11	1		109	2.1		0.0004			
LVMIAMGGHA	11	1		199	2.1		0.0005			
CILESLFRVFI	11	1		92	2.1		0.0030			
SALEAQQEA	9	1		14	2.1		0	<0.0002	0	
EQQELALOL	9	1		17	2.1		0			<0.0002
ANTSSSPL	9	1		30	2.1		0			<0.0002
ATSSSSFLV	9	1		31	2.1		0.0007			
GTLEVPFA	9	1		41	2.1		0.043	<0.0002	0	
GASAPPTTI	9	1		60	2.1		0			<0.0002
STSCILESL	9	1		89	2.1		0.0002			
RAVITKVA	9	1		99	2.1		0	<0.0002	0	
ITKAVADIV	9	1		102	2.1		0			
RAHPTVNA	9	1		118	2.1		0			
KAEMLESVI	9	1		125	2.1		0			<0.0002
KASISIQLV	9	1		146	2.1		0.0009			

【0158】

【表76】

表9 (つづき)

配列	AA	Mass 値	分子	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
PTCHSYLV	9	1		164	2.1		0			
KTCGLIIVL	9	1		191	2.1		0.0006			
LIIIVUMIA	9	1		195	2.1		0			
LIIVUMIAM	9	1		196	2.1		0.0007		0.0006	
MIAMEGQHA	9	1		201	2.1		0.0005	<0.0002	0.0002	
EIWEELSUM	9	1		213	2.1		0			
SAYGEPRKL	9	1		230	2.1		0.0002			<0.0002
YLEYGRCRT	9	1		248	2.1		0			
EALGLVCVQA	10	1		21	2.1		0.0005	<0.0002	0	
QAATSSSSPL	10	1		29	2.1		0			<0.0002
YTKAEMLSEV	10	1		123	2.1		0			
EADPTGHSIV	10	1		161	2.1		0			
VIGTLSEVPT	10	1		39	2.1		0.0004			
SAFTTINFT	10	1		62	2.1		0			
QIDVKEADPT	10	1		156	2.1		0			
PTGHSYVLVT	10	1		164	2.1		0			
FLNGPRALJ	9	1	新	265	2.1		0.042	0.0017	0	
LAETSYVKV	9	1	新	272	2.1		0			
YKVLLEYVI	9	1	新	277	2.1		0.0002			
RUREFFPSL	9	1	新	290	2.1		0.0001			
LAETSYVKVL	10	1	新	272	2.1		0			<0.0002
VLETVIKVSA	10	1	新	280	2.1		0.0002	0.0002	0	

【0159】

【表77】

表9 (つづき)

配列	AA	Mage 係	分子	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
ALHRENEGV	10	1	新	301	2.1		0			
SHCKPEEV	9	1	新 (a)	7	2.1		0.018			
AKGLVCQV	9	1	新 (a)	22	2.1		0.012			
LHGTLESV	9	1	新 (a)	38	2.1		0.13			
LQLVFGIDV	9	1	新	151	2.1		0.0004			
GLSYDGLLG	9	1	新	176	2.1		0			
GLSYDGLLV	9	1	新 (a)	176	2.1		0.0047			
LLODQIQMP	9	1	新	182	2.1		0.0001			
LLODQIQMV	9	1	新 (a)	182	2.1		0.043			
WELSVNEV	9	1	新	215	2.1		0			
WELSVNEV	9	1	新 (a)	215	2.1		0.041			
RKLITQDLV	9	1	新	236	2.1		0			
YEFMGFPA	9	1	新	262	2.1		0			
YFELMGPRV	9	1	新 (a)	262	2.1		0.22			
AATSSSEPLV	10	1	新	30	2.1		0			
ATSSSEPLV	10	1	新	31	2.1		0			
KKADLVGFLV	10	1	新 (a)	105	2.1		1.5			
VADLVGFLL	10	1	新	106	2.1		0.0008			0.0003
SESLQVFGI	10	1	新	148	2.1		0			
VWVTCGLSV	10	1	新 (a)	170	2.1		0.30			
QHPKTKGFLI	10	1	新	187	2.1		0.0009			
QHPKTKGFLV	10	1	新 (a)	187	2.1		0.050			

【0160】

【表78】

表9 (つづき)

配列	AA	Mape	分子	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
KTGFLIIVLV	10	1	新	191	2.1		0.0012			
LIIIVLHTAM	10	1	新	195	2.1		0.0003			
VHINEGGRV	10	1	新 (a)	200	2.1		0.053			
SAYGEPRKLL	10	1	新	230	2.1		0			0.0008
ALARTSYKVL	11	1	新	270	2.1		0.012			
KPVELVHFLAL	11	2		52	2.1		0.67			
ELMEVDPIGHL	11	3		105	2.1		0.026			
HLYIFATCLGL	11	3		114	2.1		0.041			
LLKYRABEPV	11	3		60	2.1		0.0001			
OLVFGEIEMEV	11	3		99	2.1		0.34			
IMPKAGLLIV	11	3		135	2.1		0.013			
VLVTCGLGLSYDGL	13	1	新	170	2.1		0.0017			
KLLTQDLVQKYL	13	1	新	237	2.1		0.0060			
DLVQKYLEYRQW	13	1	新	242	2.1		0			
SLFRVITRKVADLV	15	1	新	96	2.1		0.0004			
DLESFQALSRKRV	15	2	POL	40	2.1		0			
MLGSVGNHQYFFPV	15	3	POL	75	2.1		0.012			
GASSFTTI	9	2		60	2.1		0			0.0002
DLESFQAA	9	2,3		93	2.1		0			
QAATSRKRV	9	2		99	2.1		0			
KAEMLESSVL	9	2		125	2.1		0			0
KASEYLQLV	9	2		146	2.1		0.011			

[0161]

[表79]

表9 (つづき)

配列	AA	Mag 株	分子	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
QLVFGIEVV	9	2		152	2.1		0.0038			
VVPISHLVI	9	2		162	2.1		0.0005			
PISHLYILV	9	2		164	2.1		0.0005			
RLYLAVTCL	9	2		167	2.1		0.0034			
YLAVTCLGL	9	2		169	2.1		0.0014			
GLIGGNQVM	9	2		181	2.1		0.0038			
QNPRTCLL	9	2		187	2.1		0			
VREKTGLI	9	2		188	2.1		0.0010			0.230
KTLLIIVL	9	2		191	2.1		0.0002			
GLIIVLAI	9	2,3		193	2.1		0.0002			
LLIIVLAI	9	2,3		194	2.1		0.0001			
LIVLAIIA	9	2,3		195	2.1		0.0008			
LIVLAIIAI	9	2		196	2.1		0.0009			
ITATGDDCA	9	2		201	2.1		0			
QASSLPTH	9	3		60	2.1		0			0.0010
QVALSRKVA	9	3		99	2.1		0			
VRELWPELL	9	3		106	2.1		0			0.039
KASMLGSIV	9	3		125	2.1		0			
KASSLIQIV	9	3		146	2.1		0.0005			
OLVFIEIEM	9	3		152	2.1		0.0010			
PIGHLYIFA	9	3		164	2.1		0			
IMPKAGLLI	9	3		188	2.1		0.0064			

[0162]

[表80]

表9 (つづき)

配列	AA	Maor 数	分子	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
KAGLLIIVL	9	2		181	2.1		0.0002			0
IIAREGDCA	9	3		201	2.1		0			
EAFAQGEAL	10	1	筋	14	2.1		0			0
EAQERAGLV	10	1	筋	17	2.1		0			
DLESEFQAAI	10	2		93	2.1		0			
PAISRRPEL	10	2		100	2.1		0			0
VIFSKASYL	10	2		142	2.1		0.0014			
YLQVDFGRV	10	2		150	2.1		0.37			
LVFGISVGV	10	2		153	2.1		0.012			
GIEVVEVPFI	10	2		156	2.1		<0.0002			
VWVVFISHL	10	2		159	2.1		<0.0002			
EVVPISHYI	10	2		161	2.1		<0.0002			
VVPISNLYIL	10	2		162	2.1		0.0002			
FISHLYILVT	10	2		164	2.1		0.0003			
QVNEKTGLLI	10	2		187	2.1		0.0002			
VPEKTKLLIF	10	2		188	2.1		0.0009			0.058
KTGLLIIVLA	10	2		191	2.1		<0.0002			
GLLIIVIAI	10	2,3		193	2.1		0.0005			
LLIIVIAIA	10	2,3		194	2.1		<0.0002			
LIIVIAIAI	10	2		195	2.1		0.0013			
AIIAIREDCA	10	2		200	2.1		0.0023			
AALSRKVAREL	10	3		100	2.1		0.0007			0

[0163]

[表81]

表 9 (つづき)

配列	AA	Mase 様	分子	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
VDELHFLL	10	3		106	2.1		0.0009			0.0018
VTIAEHLGV	10	3		123	2.1		<0.0002			
GTELEVDPI	10	3		156	2.1		<0.0002			
EVDPIGHLYI	10	3		161	2.1		<0.0002			
PIGHLYIFAT	10	3		164	2.1		0.0003			
QIHPKAGLLI	10	3		187	2.1		0.0006			
IMPKAGLLI	10	3		188	2.1		0.0015			
KAGLLIIVLA	10	3		191	2.1		<0.0002			
AIITAREGDC	10	3		200	2.1		<0.0002			
FLNGPRALI	9	2		271	A02					
GEARGEAL	9	3		15	A02					
EARGEALZL	9	3		17	A02					
ALGLVGAQR	9	3		22	A02/A03					
GLVGAQNP	9	3		24	A02/A03					
LVGAQAPAT	9	3		25	A02					
PATEQREAA	9	3		31	A02/A03					
EARSSTSL	9	3		37	A02					
AARSSTSLV	9	3		38	A02					
LVEVLGRV	9	3		45	A02					
EVLIGRVA	9	3		47	A02/A03					
VTIGRVPA	9	3		48	A02/A03					
KIMERISVL	9	3		210	A02					

[0164]

[表82]

表 9 (つづき)

配列	AA	M _{rel} 値	分子	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
SILGDPKKL	9	3		237	A02					
ILGDPKKLL	9	3		238	A02					
FLMGPRALV	9	3		271	A02					
PAUVTSYV	9	3		276	A02					
LVETSYVKV	9	3		278	A02					
YKPLGRGV	9	3		283	A02					
KVLHKKKI	9	3		285	A02					
EMGEALGLV	10	3		17	A02					
ENGLVGRQA	10	3		21	A02/A03					
GLVGRQAPAT	10	3		24	A02					
QAPATEQEA	10	3		29	A02/A03					
ENASSSTLV	10	3		37	A02					
TLVEVTLGRV	10	3		44	A02					
EVLGRVPA	10	3		47	A02/A03					
EVFGREDGI	10	3		229	A02					
SILGDPKKLL	10	3		237	A02					
ILGDPKKLLT	10	3		238	A02					
ALVETSYVKV	10	3		277	A02					
LVETSYVKVL	10	3		278	A02					
MVKISGPHI	10	3		290	A02					
LVGLTGRV	9	1		38	2.1	<0.0005	0.032	0	0	0.0003
KVADLAGFL	10	1		105		0.0005	0.011	0.0039	0.0030	0.0070

[0165]

[表83]

表8 (つづき)

配列	AA	Mase 様	分子	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
LVFGIRAEV	10	3		153	2.1		0.17			
ILLWPIPV	9	3				<0.0007	1.4	0.0048	0.0048	0
EVDPIGHLY	9	3				3.7			0.0022	
KVVELVHFL	9	2				<0.0007	0.13	0.0007	0	0.0043
KVVELVHFL	10	2		105		<0.0008	0.071	0.0004	0.0001	0.0008
LVFGIRAEV	10	3				0.0036	0.065	0.0007	0	0
KVVELVHFL	9	3		105	2.1	0	0.073	0.011	0.0047	0.0005
CILESDFRA	9	1		92	2.1	0.0001	0.073	0	0.0002	0
VNIAMGCHH	10	1		200	2.1	<0.0008	0.0023	0	0	0
HLESVINKYK	10	1				0	0	0.034	0.0045	0
ETSTVKOLEY	10	1				0.075	0	0.0009	0.0004	0
KVLSYIKV	9	1	断	279	2.1	<0.0005	0.095	0.022	0.015	0
FWGPRALA	9	1				<0.0006	0.027	0.0015	0	0
ALHSEEGV	9	1		302	2.1	<0.0006	0.0056	0	0	0
ALAETSYVKV	10	1		271		<0.0007	0.017	0.0011	0.0029	0
YVIRVSARV	9	1		283	2.1	0.0005	0.018	0	0	0
ALAETSYV	9	1		270	2.1	<0.0006	0.014	0.0003	0.0005	0
ALAETSYV	9	1				<0.0006	0.0002	0.17	0.39	0
VZLTLEEV	8	1		39	2.1	<0.0007	0.0088	0	0	0
SLQLVFGI	8	1		150	2.1	<0.0007	0.0094	0	0.0001	0
ILESDFRA	8	1		93	2.1	<0.0004	0.0017	0.0003	0	0.0001
FLIAKYDA	8	1		112	2.1	0.0036	0.0007	0.0003	0.0001	0

[0166]

[表84]

表9 (つづき)

配列	AA	Mase 様	分子	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A11	A24
GLVCVQAA	6	1		24	2.1	0.0016	0.0008	0.0008	0	0
VAVTCLGL	8	1		170	2.1	<0.0007	0.0010	0.0001	0	0
KVADLVGFL	9	1		105	2.1	<0.0008	0.0081	0.0013	0.0005	0
YVLVTCLGL	9	1		169	2.1					
IMPKTGFLL	9	1		188	2.1	<0.0008	0.0035	0	0	3.2
GLLDNDQIM	9	1			A2.1	<0.0008	0.0054	0	0	0.0002
GLVCVQANT	9	1		24	2.1	0.0030	0.0007	0.0026	0	0.0001
VADLVGFL	9	1		106	2.1	0.032	0.0011	0.0054	0.0008	0.0007
YLSYGRCTV	10	1		248	2.1	0.0008	0.0097	0.0001	0	0
SLQLVFGDV	10	1		150	2.1	0.0028	0.0047	0.0013	0.0001	0.0001
IMPKTGFLL	10	1		188	2.1	<0.0008	0.0007	0	0	0.050
ALGLVCVQDA	10	1		22	A2.1	0.0011	0.0002	0.0003	0	0
EINERLSVMEV	11	1		213	A2.1	0.0007	0.013	0.0001	0.0001	0
FLITVLNMIN	11	1			A2.1	0.023	0.0031	0.016	0.0014	0.0011
VIPHAMSSGV	11	1		257	2.1	<0.0009	1.4	0	0	0
CILSCFRAVI	11	1			A2.1	0.079	0.0017	0.058	0.0005	0.0008
OIMPKTGFLL	11	1		187	2.1	<0.0009	0.0003	0	0	0.0030
GFLLKYFA	9	1						0.0004	0.0002	
CFPRITGKA	9	1						0	0	
FFPFSIREA	9	1						0	0	
FFPSIREAA	9	1						0	0	
RLMCKPSEA	10	1						0.0001	0.0008	

[0167]

[表85]

表9 (つづき)

配列	AA	M _{exp} 株	分子	位置	モチーフ	A1	A2.1	A3.2	A12	A24
EFLMGPRALA	10	1						0	0	
RRFFPSLREA	10	1						0.0004	0	
FFFPSLREDA	10	1						0	0	

【0168】

【表86】

表9 (つづき)

配列	抗原	性	分子	位置	モチーフ	AI 結合	A2 結合	A3 結合	A11 結合	A24 結合	最大 結合
ALFLGLGAA	HIV	MN	gp160	518	A02		0.0050				0.0050
HLQLTWGI	HIV	MN	gp160	566	A02		0.2150				0.2150
RVIEVLQRA	HIV	MN	gp160	829	A02		0.1963				0.1963
KLTPLCVTL	HIV	MN	gp160	170	A02		0.1600				0.1600
LLJAARIVEL	HIV	MN	gp160	776	A02		0.1550				0.1550
SILNATDIIV	HIV	MN	gp160	814	A02		0.1050				0.1050
ALFLGLGA	HIV	MN	gp160	518	A02		0.0945				0.0945
HLQLTWGI	HIV	MN	gp160	565	A02		0.0677				0.0677
LNATDIIV	HIV	MN	gp160	815	A02		0.0607				0.0607
ALFLKLDIV	HIV	MN	gp160	170	A02		0.0362				0.0362
HLWYIRIFI	HIV	MN	gp160	679	A02		0.0355				0.0355
TIIVHLNESV	HIV	MN	gp160	288	A02		0.0350				0.0350
LLQYMSDEL	HIV	MN	gp160	800	A02		0.0265				0.0265
IMVGGUVEL	HIV	MN	gp160	687	A02		0.0252				0.0252
LLYKLDIVSI	HIV	MN	gp160	180	A02		0.0245				0.0245
FLATIMVDL	HIV	MN	gp160	753	A02		0.0233				0.0233
TLQCKTKQII	HIV	MN	gp160	415	A02		0.0200				0.0200
GLVGLRIVEA	HIV	MN	gp160	692	A02		0.0195				0.0195
FLGAAGSTM	HIV	MN	gp160	523	A02		0.0190				0.0190
IIISLDQSL	HIV	MN	gp160	107	A02		0.0179				0.0179
TWVGIGKQLQA	HIV	MN	gp160	570	A02		0.0150				0.0150
LLGRGQEV	HIV	MN	gp160	785	A02		0.0142				0.0142
AVLSVNRV	HIV	MN	gp160	701	A02		0.0132				0.0132

【0169】

【表87】

表8 (つづき)

配列	抗原	株	分子	位置	モチーフ	A1 結合	A2 結合	A3 結合	A11 結合	A24 結合	最大 結合
FINVGGLV	HIV	MN	gp160	686	A02		0.0131				0.0131
LNATDIAVA	HIV	MN	gp160	815	A02		0.0117				0.0117
FLYGALLIA	PLP	ヒト		80	A02		1.9000				1.9000
SLITFNIAA	PLP	ヒト		253	A02		0.5100				0.5100
FNIAATYNFAV	PLP	ヒト		257	A02		0.4950				0.4950
RYGVGLPWI	PLP	ヒト		205	A02		0.1650				0.1650
IAATYNFAV	PLP	ヒト		250	A02		0.0540				0.0540
GLLECCARCLV	PLP	ヒト		2	A02		0.0515				0.0515
YALTVMRL	PLP	ヒト		157	A02		0.0415				0.0415
ALTYVMLLV	PLP	ヒト		158	A02		0.0300				0.0300
FLYGALLL	PLP	ヒト		80	A02		0.0345				0.0345
SLCADRRHYGV	PLP	ヒト		199	A02		0.0140				0.0140
LLVFACSAV	PLP	ヒト		164	A02		0.0107				0.0107

【0170】

【表88】

表 10

AA	配列	源
9	YIPATCLGL	MAGE 3 169
9	IMPKTGFLI	MAGE 3 188
10	IMPKTGFLII	MAGE 3 188
15	MLGSVVGNTWQYFFPV	MAGE 3 POL 75
9	VMPTKGLLI	MAGE 2 188
9	IMPKAGLLI	MAGE 3 188
10	IMPKAGLLII	MAGE 3 188
9	RLWHYPCTV	HCV Env2 614
9	RLWHYPCTI	HCV Env2 614
9	FLLLADARJ	HCV Env2
9	GVWPLLLLL	HCV Env2 792
9	GMWPLLLLL	HCV Env2 792
9	VLNTPGLPV	HCV NS3/NS4 1542
9	YMNTPGLPV	HCV NS3/NS4 1542
9	VILDSFDPL	HCV NS5 2251
9	ILMTHFFSI	HCV NS5 2843
9	ILMTHFFSV	HCV NS5 2843
9	LMAYVLASL	gpi100 606
9	SLSLGFLFL	PAP 13
10	YMINVKCWMJ	c-ErbB2 952
10	GLHGQDLPGI	PAP 196
9	AILSVISFL	P. falciparum CSP 6
9	GLIMVLSFL	P. falciparum CSP 425
9	VLLGGVGLV	P. falciparum EXP-1 91
9	GLLGNVSTV	P. falciparum EXP-1 83
9	LLGNVSTVL	P. falciparum EXP-1 84
9	VLAGLLGNV	P. falciparum EXP-1 80

【0171】

【表89】

表10(つづき)

AA	配列	源
9	KILSVFFLA	P. falciparum EXP-1 2
9	FLIFFDLFL	P. falciparum TRAP 14
9	LIFFDLFLV	P. falciparum TRAP 15
9	FMKAVCDEV	P. falciparum TRAP 230
9	LLMDCSGSI	P. falciparum TRAP 51
10	ILSVSSFLFV	P. falciparum CSP 7
10	VLLGGVGLVL	P. falciparum EXP-1 91
10	GLLGNVSTVL	P. falciparum EXP-1 83
10	FLIFFDLFLV	P. falciparum TRAP 14
10	GLALLACAGL	P. falciparum TRAP 507
9	KFWEELSMI	MAGE2 220
9	TLMSAMTNL	Prost.Ca PAP 112
9	LLARAASL	Prost.Ca PAP 6
9	ALDVYNGLL	Prost.Ca PAP 259
9	VTWGAAPL	PSA 8
10	ALJTSYVVKV	MAGE2 277
10	SLSLGLFLL	Prost.Ca PAP 13
10	RTLMSAMTNL	PAP 111
10	FLPSDFPPSV(CONH2)	HbC 18-27
10	FLPSDFPPSV-NH2	HbC 18-27
9	ILGFVFTLT-NH2	Flu Matrix 59-67
10	KGILGFVFTL-NH2	Flu Matrix 57-66
11	FLPSDFPPSVR	HbC 18-28
9	FLPSDFPPS	HbC 18-26
9	GLGKVFTL	Flu Matrix 58-66 フナログ
9	FLSKQYLNL	HBVポリメラーゼ
9	KLQCVPLHV	PSA 166-174 P/D

【0172】

【表90】

表10 (つづき)

AA	配列	源
9	KLQCVPLHV	PSA 166-174 PID
9	KLQCVPLHV	PSA 166-174 PID
9	KLYEYVAKV	A2.1 コンセンサス
9	KLAELYVAKV	A2.1 コンセンサス
9	KLAELYVKV	A2.1 コンセンサス
9	TLTSCNTSV	HIV gp 120 env. RE unes 197
9	ALMEKYQV	A2.1 コンセンサス ペプチド
9	ALSEKYQV	A2.1 コンセンサス ペプチド
9	FLMSYFPSV	941.01 9-mer アナログ
9	FLPSYFPSV	941.01 9-mer アナログ
10	FLMSDYFPSV	941.01 M2 アナログ
9	FLYCYFALV	Chiron コンセンサス
9	FMYCYFALV	Chiron コンセンサス
10	SLVGFGLCV	Chiron コンセンサス
10	SLMGCGLFWV	Chiron コンセンサス
8	GLLGFLV	HBV adh-ENV
9	AMAKAAAAI	A2.1 poly-A
10	MMWYWGFSLY	HBV
9	FLPSYFPSA	934.02 の アナログ : chiron comb
9	FAPSYFPSV	934.02 の アナログ : chiron comb
9	FLPSYFPS	934.02 の アナログ : chiron comb
9	FSPSYFPSV	934.02 の アナログ : chiron comb
9	IMPKTQFLJ	MAGE-1
9	VADLVQFLL	MAGE-1
11	ETWEELSVMEV	MAGE-1
11	FLITVLYMIAM	MAGE-1
11	VIFHAMSSCGV	MAGE-1
11	CILESFCRAVI	MAGE-1
9	YIFATCLGL	MAGE-1

【0173】

【表91】

表10 (つづき)

AA	配列	源
9	YIFATCLGL	MAGE3
11	KMVELVVHFLLL	MAGE2 112-122
11	HLPFYATCLGL	MAGE3 174-184
9	GLQOCTMLV	HCV NS5 2727-2735
8	TLGVSP2	HPV, 1088.01の アナログ
8	TLGVXP1	HPV, 1088.01の アナログ
10	FLLAQPTSAI	HBV POL 513
11	VLLDYQGMLPV	HBV env
11	CHLLCLJFLL	HBV env
9	FLGGSPVCL	HBV env
11	TVIEYLVSGV	HBV core 114-124
11	TVLEVYLVSGV	HBV core 114-124
10	FLLAQPTSAI	HBV pol
9	GLYSSTVP1	HBV pol
9	GLYSSTAP1	HBV pol
9	GLDVLTAKV	HTV form VIN.
9	XILGAVAKV	HTV form VIN.
9	LLFGYPVYV	HTLV, tax 11-19
9	ALFGYPVYV	tax 11-19, SAAS
9	LLFGAPVYV	tax 11-19, SAAS
9	LLFGYAVYV	tax 11-19, SAAS
9	LLFGYPVAV	tax 11-19, SAAS
9	AAGIGILTY	MART1 27-35
9	GILTVILGV	MART1 31-39
5	ILTVILGVL	MART1 32-40
9	VILGVILLI	MART1 35-43
9	ALMDKSLHV	MART1 56-64
10	TVILGVLLI	MART1
10	LLDGTATLRL	MART1
10	LSVSSFLPV	Flas. falcip. CSA-A 7-16
9	GLIMVLSFL	Flas. falcip. CSA-A 401-409

【0174】

【表92】

表10 (つづき)

AA	配列	源
9	IMVLSFLFL	Plas. falcip. CSA-A 403-411
10	FLIFFDLFLV	Plas. falcip. TRAP-A 14-23
9	FMKAVCVYEV	Plas. falcip. TRAP-A 200-207
9	INPGQEAGL	gp100
9	GLGQVPLIV	gp100
9	LMAYVLASL	gp100
9	RLMKQDFSV	gp100
9	HLAVIGALL	gp100
9	LLAVGATKV	gp100
9	MLGTHIMEV	gp100
10	LLDGTATLRL	gp100
10	VLRYGSPSV	gp100
10	VLSPACQLV	gp100
10	SLADTNSLAY	gp100
10	VLMAVVLASL	gp100
10	LMAYVLASLI	gp100
10	RLDCWRGGQV	gp100
10	AMLGTHIMEV	gp100
10	ALDGGNKHFL	gp100
9	YLEPGPVTA	gp100
10	LLNATALAVA	
11	SLLNATALAVA	
9	KTWGQYWQV	gp100
9	ITDQVPFSV	gp100
9	YLEPGPVTA	gp100
10	LLDGTATLRL	gp100
10	VLRYGSPSV	gp100
10	ALDGGNKHFL	gp100
9	GLTVVLGV	MARTI 31-39
9	YMNQMSQV	ヒト・チロシナーゼ
9	MLLAVLYBL	ヒト・チロシナーゼ
9	LLWSFQ TSA	ヒト・チロシナーゼ

【0175】

【表93】

表10 (つづき)

AA	配列	源
9	YLTAKHTI	ヒト・チロシナーゼ
9	FLPWHRLFL	ヒト・チロシナーゼ
9	FLRWEEQEI	ヒト・チロシナーゼ
9	RWSWLLGA	ヒト・チロシナーゼ
9	LLGAAMVGA	ヒト・チロシナーゼ
9	AMVGAVLTA	ヒト・チロシナーゼ
9	VLTAALLAGL	ヒト・チロシナーゼ
9	ALLAGLVSL	ヒト・チロシナーゼ
9	LLAGLVSL	ヒト・チロシナーゼ
10	BLLWSFQTS	ヒト・チロシナーゼ
10	WMHYYSMDA	ヒト・チロシナーゼ
10	FLPWHRLFL	ヒト・チロシナーゼ
10	WLLGAAMVGA	ヒト・チロシナーゼ
10	AMVGAVLTAL	ヒト・チロシナーゼ
10	VLTAALLAGLV	ヒト・チロシナーゼ
10	TALLAGLVSL	ヒト・チロシナーゼ
10	ALLAGLVSL	ヒト・チロシナーゼ
9	NLTDALLQV	P. falciparum SSP2 132
9	SAWENVKNV	P. falciparum SSP2 218
10	FLIFFDLFLV	P. falciparum SSP2 14
9	NLNDNAIHL	P. falciparum SSP2 80
10	YLLMDCSGSI	P. falciparum SSP2 51
9	TLQDVSLV	対照

【0176】

【表94】

表 11

AA	配列	源
9	ALYWFRTGI	HPV 6b/11 E1 319
	LLDGNPMSI	HPV 6b/11 E1 540
9	NAWGMVLLV	HPV 6b/11 E1 270
9	SLYARIQWL	HPV 6b/11 E1 260
9	TLIKCPPLI	HPV 6b/11 E1 556
9	GYDALFDI	PSMAg 707
9	YLSGANLNL	CEA 605
9	VLYGPDPI	CEA 589
9	IMIGVLGV	CEA 691
9	LLTFWNPFT	CEA 24
9	KLTEMVQWA	HPV 6b/11 E1 357
9	YMDTYMRNL	HPV 6b/11 E1 532
10	NLLDGNPMSI	HPV 6b/11 E1 539
10	SLYARIQWLT	HPV 6b/11 E1 260
10	TLIKCPPLV	HPV 6b/11 E1 556
10	MVFELANSIV	PSMAg 583
10	YLWVYNNQSL	CEA 176
10	YLWVYNNQSL	CEA 354
10	YLWVYNNQSL	CEA 532
10	GIMIGVLGV	CEA 690
10	VLYGPDFTI	CEA 233
10	KLIEPLSLYA	HPV 6b/11 E1 254
10	WLCAGALVLA	PSMAg 20
10	IMIGVLGVYA	CEA 691

【0177】

【表95】

表11(つづき)

AA	配列	源
9	YLYQLSPPI	HTLV-I tax 155
9	LLFEETYNI	HTLV-I tax 307
9	QLGAFITNV	HTLV-I tax 178
9	TLTAWQNGI	HTLV-I tax 226
9	ALQFLIPRL	HTLV-I tax 67
9	TLGQHLPIL	HTLV-I tax 123
9	FAFKDLFVV	HPV 18 E6 47
9	RLQLLIFRA	GCDFF-15 2
9	CMVVKTYLI	GCDFF-15 65
9	LLLVLCCLQL	GCDFF-15 15
9	ILYAHQCL	HPV18 E1 266
9	SLACSWGMV	HPV16 E1 266
9	CLYLHIQSL	HPV16 E1 259
9	YLVSPISDI	HPV16 E1 90
9	VMFLRYQQV	HPV16 E1 443
9	KLLSKLLCV	HPV16 E1 292
9	ALDGNPISI	HPV18 E1 546
9	AVPKDTYGL	HPV18 E1 216
9	LLTTNIHFA	HPV18 E1 570
9	LLQQYCLYL	HPV16 E1 254

【0178】

【表96】

表11 (つづき)

AA	配列	源
9	AMLAKFKEL	HPV16 E1 206
9	ALDGNLVSM	HPV16 E1 539
9	FLGALKSFL	HPV18 E1 463
9	FHFIIQGA V	HPV18 E1 497
10	TLLLVLCLQL	GCDFF-15 14
10	LLFRASPATL	GCDFF-15 6
10	SLMKFLQGSV	HPV16 E1 489
10	SLACSWGMVV	HPV16 E1 266
10	FLQGSVICFV	HPV16 E1 493
10	FIQGAVISFV	HPV18 E1 500
10	KLLCVSPMCM	HPV16 E1 296
10	FILYAHIQCL	HPV18 E1 265
10	FVNSTSHFWL	HPV18 E1 508
10	ILLTTNHPA	HPV18 E1 569
10	TLLQYVCLYL	HPV16 E1 253
9	GLLGWSPQA	HBV ENV 62
9	GLACHQLCA	HER2/neu
9	ILDEAYVMA	HER2/neu
9	SIISAVVGI	HER2/neu
9	VVLGVVFGI	HER2/neu
9	YMIMVKCWM	HER2/neu
10	ALCRWGLLLA	HER2/neu
10	QLFEDNYALA	HER2/neu

【0179】

【表97】

表11 (つづき)

AA	配列	源
9	HMWNFISGI	HCV コンセンサス
9	VIYQYMDDL	HIV POL 358
9	SLYNTVATL	HIV GAG 77
10	TVWGKQLQA	HIV ENV 735
9	LLEAGALV	MSH 99
9	VLETAVGLL	MSH 92
9	CLALSDLV	MSH 79
9	FLSLGLVSL	MSH 45
9	SLVENALVV	MSH 52
9	AIIDPLTYA	MSH 291
9	FLCWGPFFL	MSH 251
9	FLALIICNA	MSH 283
9	TILLGIFFL	MSH 244
9	RLLGSLNST	MSH 9
9	SLYNTVATL	HIV p17/5B 77-8
9	VIYQYMDDL	HIV RT/50A 346-
9	ILKEPVHGV	HIV RT/TV9 476-

【0180】

【表98】

表 12

ペプチド番号	ペプチド長	配列
1237.01	9	FLWGPQALV
1237.02	9	FLWGPNALV
1237.03	9	FLWGPHALV
1237.04	9	FLWGPKALV
1237.05	9	FLWGPFALV
26.0158	9	AVIGALLAV
26.0172	9	LLHLAVIGA
26.0186	9	SLADTNSLA
26.0192	9	VMGTTLAEM
26.0240	9	LLAVLYCLL
26.0383	10	FLRNOPLTFA
26.0390	10	HLAVIGALLA
26.0395	10	LAVIGALLAV
26.0418	10	TLAEMSTPEA
26.0423	10	YLAEADLSYT
26.0497	10	MLLAVLYCLL
1183.10	10	VLRYGFSFSV
27.0007	9	ILSSLGLPV
27.0012	9	LLFLGVVFL
27.0019	9	GLYGAQYDV
27.0022	9	FVVALDPLV
27.0023	9	GLMTAVVLV
27.0027	9	ALVLLMLPV
27.0028	9	ILSLIARVV
27.0029	9	SLYFGGICV
27.0030	9	QLIFCMDYV
27.0031	9	VLQOSTYQL
27.0032	9	AHHNVVYHAI
27.0034	9	GLHGVGVSV
27.0035	9	GLVDFVKHI
27.0036	9	LLFRFRMRPL
27.0038	9	LMLPGMNGI
27.0043	9	TVLRFVFFL
27.0044	9	MLGNAPSIV
27.0050	9	YLDLALMSV
27.0054	9	RMPEAAPPV

【0181】

【表99】

表12(つづき)

ペプチド番号	ペプチド長	配列
27.0032	9	FLPPDAQSI
27.0033	9	MTYAAPLFV
27.0034	9	LPLGYPFV
27.0035	9	GLYLYTTEV
27.0090	9	MALLRLPLV
27.0091	9	RLPLVLPV
27.0093	9	RMFAANLGV
27.0095	9	RLDDTPEV
27.0096	9	YLYVHSPAL
27.0100	9	GLYLSQAV
27.0101	9	YLSQAVLL
27.0102	9	SLAGFVRML
27.0137	10	ATYDKOILTV
27.0145	10	KIFMLVTAVV
27.0151	10	FLADERVVV
27.0153	10	MLATDLSLRV
27.0154	10	RLQPVQWVEV
27.0161	10	FLMPVEDVFI
27.0165	10	RMSRVTTPTV
27.0168	10	LALVLLMLPV
27.0169	10	ALVLLMLPVV
27.0170	10	GVSGILLSI
27.0171	10	SLYFGGICVI
27.0173	10	QLIPCMDVVL
27.0181	10	LIFRMRPLI
27.0183	10	VLLDDGGVEV
27.0184	10	AMPAYNNMTV
27.0186	10	GLAGTVLRPV
27.0188	10	VLIAGRFPI
27.0189	10	FLYCDANLAV
27.0197	10	ALAWGAWGEV
27.0204	10	LILETSWEAI
27.0217	10	RMPEAAPPVA
27.0223	10	WMAETTLGRV
27.0226	10	AMALLRLPLV
27.0229	10	FMSLAGFVRM
27.0266	11	SLITEVETVVL

【0182】

【表100】

表12 (つづき)

ペプチド番号	ペプチド長	配列
27.0268	11	GILGPFVFLTV
27.0269	11	VLDVGDAYFSV
27.0271	11	KIWEELSMLEV
27.0272	11	STLVEVTLGEV
27.0273	11	GLAAPPQHLIRV
27.0274	11	HLIRVEGNLRV
27.0905	9	YLLALRVLA
27.0913	9	GLYRQWALA
27.0917	9	LLWQDPVFA
27.0940	9	ALLSDWLPAA
27.0945	9	WLLIDTSNA
27.0946	9	MLASTLIDA
27.0981	9	YLSEGDMAA
27.0994	9	LLACAVBIA
27.0144	10	LLCCSGVATA
27.0191	10	LLATVPKLLA
27.0192	10	KLTAAGVLLA
27.0195	10	GLGGLGLFFA
28.0064	8	TLGIVXPI
28.0065	8	ALGTXXYA
28.0293	9	FLLTRULTV
28.0294	9	ALMPLYACV
28.0295	9	LLAQFTSAV
28.0296	9	LLPFVQMFV
28.0297	9	FLLAQFTSV
28.0298	9	KLHLYSHPV
28.0299	9	KLFLYSHPI
28.0300	9	LLSSNLAWV
28.0301	9	FLLSLGRIV
28.0302	9	MMWYWGPFV
28.0303	9	VLLQAGFLV
28.0304	9	FLLPIFFCV
28.0305	9	FLLPIFFCL
28.0306	9	VLLDYQGIV
28.0307	9	YMDVVVLGV
28.0308	9	YMFDDVVLGA
28.0309	9	GLLGWSPFV

【0183】

【表101】

表12 (つづき)

ペプチド番号	ペプチド長	配列
28.0342	9	YMIMVKKWM
28.0343	9	YFATXLGL
28.0345	9	SLHXKPEEA
28.0346	9	ALGLVXVQA
28.0348	9	LLMDXSGSI
28.0349	9	FAFRDLXIV
28.0352	9	GTLGIVXPI
28.0353	9	TLGIVXPDX
28.0354	9	LLWPHISXL
28.0355	9	KLTP LXVTL
28.0356	9	ALVEDXTEM
28.0357	9	LTFGWXFKL
28.0359	9	KLQXVDLHV
28.0360	9	FMEKAVXVEV
28.0361	9	LLQQYXLYL
28.0367	9	XLVLIHQSL
28.0363	9	SLAXSWGIMV
28.0364	9	ILYAHIQXL
28.0365	9	KLSKLLXV
28.0366	9	PLPIFFXL
28.0367	9	TLCKRPILL
28.0368	9	ALMPLYAXI
28.0370	9	XILESIFRA
28.0609	10	FLLAQFTSAV
28.0610	10	YLHTLWKAGV
28.0611	10	YLFTLWKAGI
28.0612	10	YLLTLWKAGI
28.0613	10	LLFYQGM LPV
28.0614	10	LLL YQGM LPV
28.0615	10	LLVLQAGFFV
28.0616	10	ILLICLFLV
28.0650	10	ALXRWGLLL
28.0651	10	KLPDLXTEL
28.0652	10	HL YQGXQVV
28.0653	10	XILESIFRA
28.0654	10	KLQXVDLHV
28.0655	10	YFATXLGL

【0184】

【表102】

表12(つづき)

ペプチド番号	ペプチド長	配列
F111.01	9	SLYNTIVATL
F111.02	9	ALYNTIVATL
F111.04	9	SLANTVATL
F111.06	9	SLFNNAVATL
F111.07	9	SLFNLLATL
F111.10	9	SLFNTHAVL
F111.11	9	SLFNNAVAVL
F111.09	9	SLFNTIVVL
F111.12	9	SLFNAAVL
F111.13	9	SLFNTVAVL
F111.14	9	SLFNTVCVI
F111.15	9	SLHNTVATL
F111.17	9	SLHNTVAVL
F111.18	9	SLYATVATL
F111.19	9	SLYNAVATL
F111.21	9	SLYNTAATL
F111.22	9	SLYNTIAVL
F111.23	9	SLYNTSATL
F111.25	9	SLYNTVAVL
F111.26	9	SLYNTVATA
F111.27	9	SLYNAIATL
F111.28	9	SLYNLVAVL
F111.29	9	SLFNLLAVL
F111.32	9	SLFNTVVTL
F111.34	9	SLYNTVAAL
1039.031	9	MMQWYWGPSL
1211.40	10	SLLNATAIAY
	10	TIHDIILECV
	9	FAFRDLICIV
	9	GTLGIVCPI
	9	TLGIVCPIIC

【0185】

【表103】

表 13

A	配列	源
A		
9	IPQSLDSWW	HBV ENV 191
9	IPIPSWAF	HBV ENV 313
9	TPARVTGGV	HBV POL 365
9	LPIFFCLWV	HBV ENV 379
9	HPAAMPHELL	HBV POL 440
9	FPHCLAFSY	HBV POL 541
9	DPSRGRGL	HBV POL 789
9	QPRGRRQPI	HCV Core 57
9	SPRGRSRPSW	HCV Core 99
9	DPRRRSRNL	HCV Core 111
9	LPGCSFSIF	HCV Core 168
9	YPCTVNFTI	HCV E2 622
9	LPALSTGLI	HCV E2 681
9	HPNIEEVAL	HCV NS3 1358
9	SPGALVVG	HCV NS4 1887

【0186】

【表104】

表13 (つづき)

A	配列	源
A		
9	SPGQRVEFL	HCV NS5 2615
9	APTLWARM	HCV NS5 2835
9	FPRIWLHL	HIV VPR 34
9	SPTRRELQV	HIV POL 37
9	FPVRPQVPL	HIV NEF 84
9	RPQVPLRPM	HIV NEF 87
9	KPCVKLTPL	HIV ENV 123
9	SPRTLNAWV	HIV GAG 153
9	FPISPIETV	HIV POL 171
9	SPAIFQSSM	HIV POL 327
9	NPDIVIYQY	HIV POL 346
9	GPGHKARVL	HIV GAG 360
9	LPEKDSWTV	HIV POL 417
9	YPLASLRSL	HIV GAG 507
9	VPRRKAKII	HIV POL 991
9	TPTLHEYML	HPV16 E7 5
9	KPLNPAEKL	HPV18 E6 110
9	NPAEKLRLH	HPV18 E6 113
9	VPISHLYIL	MAGE2 170
9	MPKTGLLII	MAGE2 196

【0187】

【表105】

表13 (つづき)

A	配列	源
A		
9	DPACYEFLW	MAGE2 265
9	EPHISYPPL	MAGE2 296
9	YPPLHERAL	MAGE2 301
9	LPTTMNYPL	MAGE3 71
9	DPIGHLYIF	MAGE3 170
9	MPKAGLLII	MAGE3 196
9	GPHISYPPL	MAGE3 296
9	HPSDGKCNI	P. falciparum S
9	RPRGDNFAV	P. falciparum S
9	QPRRGDNF	P. falciparum S
9	LNDKSDRY	P. falciparum S
10	L'LDKGIKPY	HBV POL 123
10	T'ARVTGGVF	HBV POL 365
10	F'HCCLAFSYM	HBV POL 541
10	L'RRGPRLGV	HCV Core 37
10	A'LGGAARAL	HCV Core 142
10	L'GCSFSIFL	HCV Core 168
10	VPASQVCGPV	HCV E2 497
10	YPCTVNFTIF	HCV E2 622

【0188】

【表106】

表13 (つづき)

A	配列	源
A		
10	SPLLLSTTEW	HCV E2 663
10	RPSGMFDSSV	HCV NS3 1506
10	LPVCQDHLEF	HCV NS3 1547
10	KPTLHGPTPL	HCV NS3 1614
10	TPLLYRLGAV	HCV NS3 1621
10	NPAIASLMAF	HCV NS4 1783
10	LPAILSPGAL	HCV NS4 1882
10	SPGALVVGVV	HCV NS4 1887
10	APTLWARMIL	HCV NS5 2835
10	IPVGFYKRW	HIV GAG 261
10	YPLASLRSLF	HIV GAG 507
10	APTKAKRRVV	HIV ENV 547
10	VPISHLYILV	MAGE2 170
10	MPKTGLLIIV	MAGE2 196
10	HPRKLLMQDL	MAGE2 241
10	LPTTMNYPLW	MAGE3 71
10	MPKAGLLIIV	MAGE3 196

【0189】

【表107】

表13 (つづき)

A	配列	源
A		
10	IPYSPLSPKV	P. falciparum S
10	TPYAGEPAPF	P. falciparum S
9	FFDHQLDPA	HBV ENV 14
9	YPALMPLIYA	HBV POL 640
9	LPVCAFSSA	HBV X 58
9	APLGGAARA	HCV 142
9	DPITPLARA	HCV 2806
9	FPYLVAYQA	HCV 1582
9	LPAILSPGA	HCV 1882
9	NPAIASLMA	HCV 1783
9	TPIDTTIMA	HCV 2551
9	TPLLYRLGA	HCV 1621
9	WPLLLLLLA	HCV 793
9	NPYNTPVFA	HIV POL 225
9	APLLARAA	PAP 4
9	HPQWVLTAA	PSA 52
10	IPISSWAFA	HBV ENV 313
10	TPPAYRPPNA	HBV NUC 128
10	APFTQCGYPA	HBV POL 633
10	LPIHTAELLA	HBV POL 712
10	GPCALRFTSA	HBV X 67

【0190】

【表108】

表13 (つづき)

A	配列	源
A		
10	DPTTPLARAA	HCV 2806
10	IPQAVVDMVA	HCV 339
10	LPCSFTILPA	HCV 674
10	QPEKGGKPA	HCV 2567
10	VPHPNJEEVA	HCV 1356
10	IPAETGQETA	HIV POL 820
10	LPQGWKGSPA	HIV POL 320
10	FPDLESEFQA	MAGE2/3 98
10	DPIGHLIYIFA	MAGE3 170
9	EPLSLYAH	HPV 6b/11 E1 2
9	PPLLVTSTNI	HPV 6b/11 E1 5
9	SPRLDAIKL	HPV 6b/11 E1 1
9	TPKKNCIAI	HPV 6b/11 E1 4
9	FPFDRNGNA	HPV 6b/11 E1 5
10	CPPLLVTSTNI	HPV 6b/11 E1 5
10	FPFDRNGNAV	HPV 6b/11 E1 5
8	GPLLVLQA	HBV ENV 173
8	IPIPSSWA	HBV ENV 313

【0191】

【表109】

表13 (つづき)

A	配列	源
A		
8	VPFVQWFV	HBV ENV 340
8	LPIFFCLW	HBV ENV 379
8	RFPNAPIL	HBV NUC 133
8	MPLSYQHF	HBV POL 1
8	HPAAMPPL	HBV POL 429
8	SPFLLAQF	HBV POL 511
8	YPALMPLY	HBV POL 640
8	SPTYKAFL	HBV POL 659
8	VPSALNPA	HBV POL 769
8	HPvhAGPI	HIV con. GAG
8	GPGvRyPL	HIV con. NEF
8	SPIETVPV	HIV con. POL
8	NPYNTPVF	HIV con. POL
8	LPIQKETW	HIV con. POL

【0192】

【表110】

表13 (つづき)

A	配列	源
A		
8	VPRRKaKi	HIV con. POL
8	VpLQLPPI	HIV con. REV
8	VPLAMKLI	P. falciparum
8	LPYGRTNL	P. falciparum
8	RPRGDNFA	P. falciparum
8	IPQQEPNI	P. falciparum
8	TPFAGEPA	P. falciparum
9	SPINTIAEA	HPV 6b E1 93
9	SPISNVANA	HPV 11 E1 93
9	SPRLDAIKL	HPV 6b/11 E1 1
9	EPLSLYAH1	HPV 6b/11 E1 2
9	EPPKIQSGV	HPV 6b/11 E1 3
9	IPFLTKFKL	HPV 6b E1 455
9	TPKKNCIAI	HPV 6b/11 E1 4
9	QPLTDAKVA	HPV 11 E1 512
9	PPLLVTSTNI	HPV 6b/11 E1 5

【0193】

【表1111】

表13 (つづき)

A	配列	源
A		
9	FPFDRNGNA	HPV 6b/11 E1 5
9	APLILSRIV	PSA 14
9	HPEDTGQVF	PSA 78
9	HPLYDMSLL	PSA 94
9	HPQKVTKFM	PSA 184
9	GPLVCNGVL	PSA 211
9	RPSLYTKVV	PSA 235
9	FPPEGVSIW	PAP 124
9	NPILLWQPI	PAP 133
9	LPFRNCPRF	PAP 156
9	IPSYKKLIM	PAP 277
9	LPPYASCHL	PAP 307
9	SPSCPLERF	PAP 348
9	CPLERFAEL	PAP 351
9	GPTLIGANA	gp100 74
9	LPDGQVIWV	gp100 97
9	VPLAHSSSA	gp100 198
9	QPLTFALQL	gp100 236
9	DPSGYLAEA	gp100 246
9	EPGPVTAQV	gp100 282
9	MPTAESTGM	gp100 366
9	TPAEVSIVV	gp100 401
9	LPKEACMEI	gp100 520
9	LPSPACQLV	gp100 545
9	VPLIVGILL	gp100 596
9	LPHSSSHWL	gp100 630

【0194】

【表112】

表13 (つづき)

A	配列	源
A		
9	CPIGENSPL	gp100 647
9	SPLLSGQQV	gp100 653
9	MPREDAHFI	MART1 1
9	APLGPQFPF	チロシナーゼ 6
9	IPIGTYGQM	チロシナーゼ 1
9	TPMFNDINI	チロシナーゼ 1
9	LPWHRLFLL	チロシナーゼ 2
9	IPYWDWRDA	チロシナーゼ 2
9	SPASFFSSW	チロシナーゼ 2
9	LPSSADVEF	チロシナーゼ 3
9	SPLTGIADA	チロシナーゼ 3
9	DPIFLHHA	チロシナーゼ 3
9	IPLYRNGDF	チロシナーゼ 4
9	YPELPKPSI	CEA 141
9	LPVSPRLQL	CEA 185
9	LPVSPRLQL	CEA 363
9	NPPAQYSWL	CEA 442
9	LPVSPRLQL	CEA 541
9	IPQQHTQVL	CEA 632
9	NPPAQYSWF	CEA 264
9	LPSIPVHPI	Prost.Ca PSM
9	IPVHPIGY	Prost.Ca PSM
9	RPFYRHVIY	Prost.Ca PSM
9	TPKHNMKAF	Prost.Ca PSM
9	FPGIYDALF	Prost.Ca PSM
9	RPRWLCAGA	Prost.Ca PSM
9	DPLTPGYPA	Prost.Ca PSM

【0195】

【表113】

表13 (つづき)

A	配列	源
A		
9	RPRRTILFA	Prost.Ca PSM
9	LPFDCRDYA	Prost.Ca PSM
9	LPIHTAELL	HBV POL 712
10	GPDAPTISPL	CEA 236
10	IPQHTQVLF	CEA 632
10	QPIPVHTVPL	Prost.Ca PAP
10	HPYKDFIATL	Prost.Ca PAP
10	LPGCSFSCPL	Prost.Ca PAP
10	LPSWATEDTM	Prost.Ca PAP
10	VPLSEDQLLY	Prost.Ca PAP
10	FPHPLYDMSL	Prost.Ca PSA
10	RPGDDSSHDL	Prost.Ca PSA
10	HPQKVTKFML	Prost.Ca PSA
10	LPFDCRDYAV	Prost.Ca PSM
10	YPNKTHPNYI	Prost.Ca PSM
10	SPEFSGMPRI	Prost.Ca PSM
10	RPRWLCAGAL	Prost.Ca PSM
10	TPKHNMKAFL	Prost.Ca PSM
10	RPFYRHVIYA	Prost.Ca PSM
10	HPAAMPHELLV	HBV POL 429
9	SPREGPLPA	HER2/neu 1151
9	KPDLSYMPI	HER2/neu 605
9	HPPPAFSPA	HER2/neu 1208

【0196】

【表114】

表13 (つづき)

A	配列	源
A		
9	GPLPAARPA	HER2/neu 1155
9	APQPHPPPA	HER2/neu 1204
9	EPLTPSGAM	HER2/neu 698
9	LPTHDPSP	HER2/neu 1101
9	DPLNNTTPV	HER2/neu 121
9	SPLTSIISA	HER2/neu 649
9	SPKANKEIL	HER2/neu 760
9	LPTNASLSF	HER2/neu 65
9	CPSGVKPD	HER2/neu 600
9	SPLAPSEGA	HER2/neu 1073
9	MPNQAQMRI	HER2/neu 706
9	LPAARPAGA	HER2/neu 1157
9	LPQPPICTI	HER2/neu 941
9	SPAFDNLYY	HER2/neu 1214

【0197】

【表115】

表13(つづき)

A	配列	源
A		
9	TPTAENPEY	HER2/neu 1240
9	LPSETDGYV	HER2/neu 1120
10	LPTNASLSFL	HER2/neu 65
10	CPAEQRASPL	HER2/neu 642
10	KPCARVCYGL	HER2/neu 336
10	APQPHPPPAF	HER2/neu 1204
10	SPGGRLRELQL	HER2/neu 133
10	SPLTSIISAV	HER2/neu 649
10	MPNQAQMRIL	HER2/neu 706
10	SPYVSRLGI	HER2/neu 779
10	HPPPAFSPAFA	HER2/neu 1208
10	SPREGPLPAA	HER2/neu 1151
10	NPHQALLHTA	HER2/neu 488
10	MPYGCLLDHV	HER2/neu 801

【0198】

【表116】

表13 (つづき)

A	配列	源
A		
10	GPASPLDSTF	HER2/neu 995
9	LPTTLFQPV	HTLV-I tax 21
9	IPPSFLQAM	HTLV-I tax 10
9	FPGFQGSLL	HTLV-I tax 4
9	WPLLPHVIF	HTLV-I tax 16
9	SPPTWPLL	HTLV-I tax 16
9	VPYKRIEEL	HTLV-I tax 18
9	RPQONLYTLW	HTLV-I tax 13
9	CPKDGQPSL	HTLV-I tax 26
9	RPNDEVTAIV	GCDFF-15 47
9	SPATLLLV	GCDFF-15 11
9	WPYLHNRLV	HPV16 E1 576
9	QPFILYAH	HPV18 E1 263
9	SPRLKAICI	HPV16 E1 107

【0199】

【表117】

表13 (つづき)

A	配列	源
A		
9	SPLGERLEV	HPV18 E1 97
9	SPRLQEISL	HPV18 E1 110
9	RPIVQFLRY	HPV18 E1 447
10	WPYLHNRLVV	HPV16 E1 576
10	WPYLESRTV	HPV18 E1 583
10	QPPKLRSSVA	HPV18 E1 315
10	EPPKLRSTAA	HPV16 E1 308
9	DPSRGRGLGL	HBV POL 778
9	HPAAMPHELL	HBV POL 429
9	IPISSWAF	HBV ENV 313
10	TPARVTGGVF	HBV POL 354
10	FPHCLAFSYM	HBV POL 530
9	LPVCAFSSA	HBV X 58
9	YPALMPLYA	HBV POL 640
9	APLLARAA	PAP 4

【0200】

【表118】

表13 (つづき)

A	配列	源
A		
9	HPQWVLTA	PSA 52
9	HPSDGKCNL	Pf SSP2 206
9	RPRGDNFAV	Pf SSP2 305
9	QPRPRGDNF	Pf SSP2 303
10	TPYAGEPAPF	Pf SSP2 539
9	GPHISYPPL	MAGE3 296
9	YPPLHERAL	MAGE2 301
9	VPISHLYIL	MAGE2 170
9	EPHISYPPL	MAGE2 296
9	LPTTMNYPL	MAGE3 71
9	MPKAGLLII	MAGE3 196
10	HPRKLLMQDL	MAGE2 241

【0201】

【表119】

表14

ペプチド	AA	配列
25.0129	9	LPPLERLTL
26.0445	10	EPGPVTAQVV
26.0448	10	LPRIFCSCI
26.0449	10	LPSPACQLVL
26.0455	10	VPLAHSSSAF
26.0458	10	VPRNQDWLGV
26.0476	10	APPAYEKLSA
26.0478	10	MPREDAHFY
26.0519	10	APAFLPWHL
26.0522	10	GPNCIERLL
26.0523	10	IPLYRNGDFF
26.0529	10	TPRLPSSADV
19.0101	9	TPAEVSIVV
26.0554	11	APFTQCGYPAL
26.0561	11	NPADDPSRGRL
26.0564	11	RPPNAPILSTL
26.0566	11	SPFLLAQFSA
26.0567	11	SPHTALRQAI
26.0568	11	TPARVTGGVFL

【国際調査報告】

INTERNATIONAL SEARCH REPORT		International application No. PCT/US98/05939
A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER IPC(6) : A61K 39/00, 39/29; C07K 7/00, 14/02, 14/82 US CL : 424/185.1; 530/300, 328, 350 According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC		
B. FIELDS SEARCHED Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols) U.S. : 424/185.1; 530/300, 328, 350 Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched STN file=reg of first sequence in Table 3. Examiner's MHC/peptide files. Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used) STN file=reg sequence search of first sequence in Table 3. STN file=of hits on sequence search		
C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
T	BRUSS, V. A short linear sequence in the pre-S domain of the large hepatitis B virus envelope protein required for virion formation. J. Virology. December 1997, Vol. 71, No. 12, pages 9350-9357. See entire document	1-3 and 7
Y	PREISLER-ADAMS, S. et al. Complete nucleotide sequence of a hepatitis B virus, subtype adw2, and identification of three types of C open reading frame. Nucleic Acids Res. 1993, Vol. 21, No. 9, page 2258. See entire document.	1-3 and 7
Y	RAMMENSEE, H. et al. Peptides naturally presented by MHC Class I molecules. Annu. Rev. Immunol. 1993, Vol. 11, pages 213-243, see entire article.	1-3 and 7
<input checked="" type="checkbox"/> Further documents are listed in the continuation of Box C. <input type="checkbox"/> See patent family annex.		
* Special categories of cited documents	*P* later documents published after the international filing date or priority date and not in conflict with the applicant's fee used to substantiate the claims or theory underlying the invention *A* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance *B* earlier documents published on or after the international filing date *L* document which may have priority claims or which is cited to establish the publication date of another document or other factual matters (as prior art) *C* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means *P* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed *X* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone *Y* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is considered with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art *G* document member of the same patent family	
Date of the actual completion of the international search 12 MAY 1998		Date of mailing of the international search report 17 JUL 1998
Name and mailing address of the ISA/US Commissioner of Patents and Trademarks Box PCT Washington, D.C. 20231 Facsimile No. (703) 305-3230		Authorized officer THOMAS CUNNINGHAM Telephone No. (703) 308-0196

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/US98/05039

C (Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	ENGELHARD, V. et al. Structure of peptides associated with MHC Class I molecules. Curr. Opin. Immunol. 1994, Vol. 6, pages 13-23, see entire document.	1-3 and 7

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/US98/05039

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☐ Claims Nos.:
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:

3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

See attached sheet.

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos. 1-3 and 7.

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/US98/05039

Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

1. This International Search Authority has found 3453 inventions claimed in the International Application covered by the claims indicated below:

This application contains the following inventions or groups of inventions which are not so linked as to form a single inventive concept under PCT Rule 13.1. In order for all inventions to be searched, the appropriate additional search fees must be paid.

Group I, claim(s) 1-3 and 7, drawn to compositions comprising peptides and methods of inducing CTL responses using such compositions. A review of Tables 3-14 indicates there are 2764 structurally different peptides recited.

Group II, claim(s) 4-6, drawn to nucleic acids encoding peptides. Claims 4-6 recite nucleic acids encoding the 2764 different peptides of Tables 3-14.

This application contains claims directed to more than one species of the generic invention. These species are deemed to lack Unity of Invention because they are not so linked as to form a single inventive concept under PCT Rule 13.1. The species are as follows:

Each of the 2764 different peptides recited by Tables 3-14 and each of the 2764 different nucleic acid sequences encoding the peptides of Tables 3-14. $2764 + 2764 = 5,528$ total species.

The claims are deemed to correspond to the species listed above in the following manner:

The following claims are generic: claims 1-7 because they encompass all of the peptides or nucleic acid sequences encoding the peptides of Tables 3-14.

The first peptide species recited in Table 3 (FTP, . . .LSK) will be examined. Each additional peptide species requires the payment of a separate fee. To have all the recited peptide species searched requires the payment of 2763 additional fees.

Upon payment for Group II, the Office will examine the first ten (or ten that the Applicant selects) nucleic acid species at no additional cost. Each four species of nucleic acids thereafter requires the payment of a separate fee. To have all the nucleic acid species searched requires the payment of $(2764-10)/4 = 689$ additional fees.

and it considers that the International Application does not comply with the requirements of unity of invention (Rules 13.1, 13.2 and 13.3) for the reasons indicated below:

The inventions listed as Groups I and II do not relate to a single inventive concept under PCT Rule 13.1 because, under PCT Rule 13.2, they lack the same or corresponding special technical features for the following reasons: the peptides of Group I lack the corresponding technical structural and functional features of the nucleic acids of Group II.

The species listed above do not relate to a single inventive concept under PCT Rule 13.1 because, under PCT Rule 13.2, the species lack the same or corresponding special technical features for the following reasons: the 5528 different species of peptides recited by Tables 3-14 (or the nucleic acid sequences encoding such peptides) lack the same or corresponding special technical features of common structure and function, source of isolation and amino acid or nucleic acid identity. Each separate species would require a separate prior art search.

フロントページの続き

(51)Int.Cl. ⁷	識別記号	F I	キーワード (参考)
C 0 7 K 7/00		C 1 2 Q 1/02	
C 1 2 Q 1/02		C 0 7 K 14/705	
// C 0 7 K 14/705		C 1 2 N 15/00	Z N A A
(81)指定国	EP(AT, BE, CH, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, L, U, MC, NL, PT, SE), OA(BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, ML, MR, NE, SN, TD, TG), AP(GH, GM, KE, LS, M W, SD, SZ, UG, ZW), EA(AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, CA, CH, CN, CU, CZ, DE, DK, EE, E S, FI, GB, GE, GH, GM, GW, HU, I D, IL, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MD, M G, MK, MN, MW, MX, NO, NZ, PL, P T, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, UA, UG, UZ, VN, Y U, ZW		
(72)発明者	シドニー、ジョン アメリカ合衆国、カリフォルニア 92037, ラ ジョーラ、ディー、ピラ ラ ジョー ラ ドライブ 8541		
(72)発明者	セリス、エステバン アメリカ合衆国、カリフォルニア 92130, サン ディエゴ、ランドフェア ロード 13644		
(72)発明者	グレイ、ハラワード エム、 アメリカ合衆国、カリフォルニア 92037, ラ ジョーラ、ラ ジョーラ ストリート 9066		
(72)発明者	サウスウッド、スコット アメリカ合衆国、カリフォルニア 92071, サンティー、ストレイスマオ ドライブ 10679		
F ターム(参考)	4B024 AA01 AA12 AA14 CA05 DA02 DA05 DA12 EA04 GA11 HA01 4B063 QA01 QA18 QA19 QX02 QX96 QR48 QS22 4C085 AA03 AA08 BA03 BA09 BA69 BA78 BA87 BA89 BB01 BR11 CC07 CC08 4H045 AA10 BA10 BA41 EA31 FA10 FA74		